

Document made available under the Patent Cooperation Treaty (PCT)

International application number: PCT/EP05/001863

International filing date: 23 February 2005 (23.02.2005)

Document type: Certified copy of priority document

Document details: Country/Office: EP
Number: PCT/EP/04/07957
Filing date: 16 July 2004 (16.07.2004)

Date of receipt at the International Bureau: 08 June 2005 (08.06.2005)

Remark: Priority document submitted or transmitted to the International Bureau in compliance with Rule 17.1(a) or (b)



World Intellectual Property Organization (WIPO) - Geneva, Switzerland
Organisation Mondiale de la Propriété Intellectuelle (OMPI) - Genève, Suisse

03.06.2005



Bescheinigung

Certificate

Attestation

Die angehefteten Unterlagen stimmen mit der ursprünglich eingereichten Fassung der auf dem nächsten Blatt bezeichneten internationalen Patentanmeldung überein.

The attached documents are exact copies of the international patent application described on the following page, as originally filed.

Les documents fixés à cette attestation sont conformes à la version initialement déposée de la demande de brevet international spécifiée à la page suivante.

Den Haag, den
The Hague,
La Haye, le

20.04.2005

Der Präsident des Europäischen Patentamts
Im Auftrag
For the President of the European Patent Office
Le Président de l'Office européen des brevets
p.o.


European Patent Office
Robert de Best

Patentanmeldung Nr.
Patent application no.
Demande de brevet n°

PCT/EP 04/007957

Blatt 2 der Bescheinigung
Sheet 2 of the certificate
Page 2 de l'attestation

Anmeldung Nr.: PCT/EP 04/007957
Application no.:
Demande n°:

Anmelder:
Applicant(s):
Demandeur(s):

1. BASF Plant Science GmbH - Ludwigshafen, Deutschland
2. ZANK, Thorsten - Mannheim, Deutschland (nur US)
3. BAUER, Jörg - Ludwigshafen, Deutschland (nur US)

Bezeichnung der Erfindung:

Title of the invention:

Titre de l'invention:

Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in transgenen Organismen

Anmeldetag:

Date of filing:

Date de dépôt:

16. Juli 2004 (16.07.2004)

In Anspruch genommene Priorität(en)

Priority(ies) claimed

Priorité(s) revendiquée(s)

Staat:

State:

Pays: Deutschland

Tag:

Date:

Date: 01. August 2003
(01.08.2003)

Aktenzeichen:

File no.

Numéro de dépôt: 10335992.3

Bemerkungen:

Remarks:

Remarques:

Weitere Anmelder:

4. CIRPUS, Petra - Mannheim, Deutschland (nur US)
5. ABBADI, Amine - Hamburg, Deutschland (nur US)
6. HEINZ, Ernst - Hamburg, Deutschland (nur US)
7. QIU, Xiao - Saskatoon, Kanada (nur US)
8. VRINTEN, Patricia - Saskatoon, Kanada (nur US)
9. SPERLING, Petra - Hamburg, Deutschland (nur US)
10. DOMERGUE, Frederic - Hamburg, Deutschland (nur US)
11. MEYER, Astrid - Hamburg, Deutschland (nur US)
12. KIRSCH, Jelena - Hamburg, Deutschland (nur US)

Weitere Prioritätsansprüche:

Deutschland	24. September 2003 (24.09.2003)	10344557.9
Deutschland	10. Oktober 2003 (10.10.2003)	10347869.8
Deutschland	18. Dezember 2003 (18.12.2003)	10359593.7
Deutschland	27. Februar 2004 (27.02.2004)	102004009457.8
Deutschland	13. März 2004 (13.03.2004)	102004012370.5
Deutschland	14. Mai 2004 (14.05.2004)	102004024014.0

Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in transgenen Organismen

Beschreibung

Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus, indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren, in dem Organismus exprimiert werden. Besonders vorteilhaft sind Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ -6-Desaturase-, eine Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -12-Desaturase- und/oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Desaturasen und Elongasen aus *Thalassiosira*, *Euglena* oder *Ostreococcus*. Weiterhin betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triacylglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an langkettigen mehrfach ungesättigten Fettsäuren.

Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem in einer bevorzugten Ausführungsform ein Verfahren zur Herstellung von ungesättigten ω -3 Fettsäuren sowie ein Verfahren zur Herstellung von Triglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an ungesättigten Fettsäuren, besonders von ω -3 Fettsäuren mit mehr als drei Doppelbindungen. Die Erfindung betrifft die Herstellung eines transgenen Organismus bevorzugt einer transgenen Pflanze oder eines transgenen Mikroorganismus mit erhöhtem Gehalt an ungesättigten ω -3-Fettsäuren, Ölen oder Lipiden mit ω -3-Doppelbindungen aufgrund der Expression der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Elongasen und Desaturasen vorteilhaft in Verbindung mit ω -3-Desaturasen z.B. einer ω -3-Desaturase aus Pilzen der Familie Pythiaceae wie der Gattung *Phytophthora* beispielsweise der Gattung und Art *Phytophthora infestans* oder einer ω -3-Desaturase aus Algen wie der Familie der Prasinophyceae z.B. der Gattung *Ostreococcus* speziell der Gattung und Art *Ostreococcus tauri* oder Diatomeen wie der Gattung *Thalassiosira* speziell der Gattung und Art *Thalassiosira pseudonana*.

Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte, Vektoren und Organismen enthaltend die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Vektoren enthaltend die Nukleinsäuresequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren.

Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach dem erfindungsgemäßen Verfahren und deren Verwendung. Außerdem betrifft die Erfindung ungesättigte Fettsäuren sowie Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an ungesättigten Fettsäuren und deren Verwendung.

Fettsäuren und Triacylglyceride haben eine Vielzahl von Anwendungen in der Lebensmittelindustrie, der Tierernährung, der Kosmetik und im Pharmabereich.

Je nachdem, ob es sich um freie gesättigte und ungesättigte Fettsäuren oder um Triacylglyceride mit einem erhöhten Gehalt an gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren handelt, sind sie für die unterschiedlichsten Anwendungen geeignet. Mehrfach-
 5 ungesättigte Fettsäuren wie Linol- und Linolensäure sind für Säugetiere essentiell, da sie nicht von diesen selbst hergestellt werden können. Deshalb stellen mehrfach ungesättigte ω -3-Fettsäuren und ω -6-Fettsäuren einen wichtigen Bestandteil der tierischen und menschlichen Nahrung dar.

Mehrfach ungesättigte langkettige ω -3-Fettsäuren wie Eicosapentaensäure (= EPA, C20:5 $\Delta^{5,8,11,14,17}$) oder Docosahexaensäure (= DHA, C22:6 $\Delta^{4,7,10,13,16,19}$) sind wichtige
 10 Komponenten der menschlichen Ernährung aufgrund ihrer verschiedenen Rollen in der Gesundheit, die Aspekte wie die Entwicklung des kindlichen Gehirns, der Funktionalität des Auges, der Synthese von Hormonen und anderer Signalstoffe, sowie die Vorbeugung von Herz-Kreislauf-Beschwerden, Krebs und Diabetes umfassen (Poulos, A Lipids 30:1-14, 1995; Horrocks, LA und Yeo YK Pharmacol Res 40:211-225, 1999). Es
 15 besteht aus diesem Grund ein Bedarf an der Produktion mehrfach ungesättigter langkettiger Fettsäuren.

Aufgrund der heute üblichen Zusammensetzung der menschlichen Nahrung ist ein Zusatz von mehrfach ungesättigten ω -3-Fettsäuren, die bevorzugt in Fischölen
 20 vorkommen, zur Nahrung besonders wichtig. So werden beispielsweise mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Docosahexaensäure (= DHA, C22:6 $\Delta^{4,7,10,13,16,19}$) oder Eicosapentaensäure (= EPA, C20:5 $\Delta^{5,8,11,14,17}$) Babynahrung zur Erhöhung des Nährwertes zugesetzt. Der ungesättigten Fettsäure DHA wird dabei ein positiver Effekt auf die Entwicklung und Aufrechterhaltung von Gehirnfunktionen zugeschrieben.

Im folgenden werden mehrfach ungesättigte Fettsäuren als PUFA, PUFAs, LCPUFA oder LCPUFAs bezeichnet (poly unsaturated fatty acids, **PUFA**, mehrfach ungesättigte
 25 Fettsäuren; long chain poly unsaturated fatty acids, **LCPUFA**, langkettige mehrfach ungesättigte Fettsäuren).

Hauptsächlich werden die verschiedenen Fettsäuren und Triglyceride aus Mikroorganismen wie Mortierella oder Schizochytrium oder aus Öl-produzierenden Pflanzen
 30 wie Soja, Raps, Algen wie Crypthecodinium oder Phaeodactylum und weiteren gewonnen, wobei sie in der Regel in Form ihrer Triacylglyceride (= Triglyceride = Triglycerole) anfallen. Sie können aber auch aus Tieren wie z.B. Fischen gewonnen werden. Die freien Fettsäuren werden vorteilhaft durch Verseifung hergestellt. Sehr langkettige mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie DHA, EPA, Arachidonsäure (= ARA, C20:4 $\Delta^{5,8,11,14}$), Dihomo- γ -linolensäure (C20:3 $\Delta^{8,11,14}$) oder Docosapentaensäure (DPA, C22:5 $\Delta^{7,10,13,16,19}$) werden in Ölfuchtpflanzen wie Raps, Soja, Sonnenblume, Färber-
 35 saflor nicht synthetisiert. Übliche natürliche Quellen für diese Fettsäuren sind Fische wie Hering, Lachs, Sardine, Goldbarsch, Aal, Karpfen, Forelle, Heilbutt, Makrele, Zander oder Thunfisch oder Algen.

40 Je nach Anwendungszweck werden Öle mit gesättigten oder ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. So werden z.B. in der humanen Ernährung Lipide mit ungesättigten Fett-

säuren speziell mehrfach ungesättigten Fettsäuren bevorzugt. Den mehrfach ungesättigten ω -3-Fettsäuren wird dabei ein positiver Effekt auf den Cholesterinspiegel im Blut und damit auf die Möglichkeit der Prävention einer Herzerkrankung zugeschrieben. Durch Zugabe dieser ω -3-Fettsäuren zur Nahrung kann das Risiko einer Herzerkrankung, eines Schlaganfalls oder von Bluthochdruck deutlich verringert werden. Auch entzündliche speziell chronisch entzündliche Prozesse im Rahmen immunologischer Erkrankungen wie rheumatoider Arthritis lassen sich durch ω -3-Fettsäuren positiv beeinflussen. Sie werden deshalb Lebensmitteln speziell diätischen Lebensmitteln zugegeben oder finden in Medikamenten Anwendung. ω -6-Fettsäuren wie Arachidonsäure haben bei diesen rheumatischen Erkrankungen aufgrund unserer üblichen Nahrungsmittelzusammensetzung eher einen negativen Effekt auf diese Krankheiten.

ω -3- und ω -6-Fettsäuren sind Vorläufer von Gewebshormonen, den sogenannten Eicosanoiden wie den Prostaglandinen, die sich von der Dihomo- γ -linolensäure, der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten, den Thromoxanen und Leukotrienen, die sich von der Arachidonsäure und der Eicosapentaensäure ableiten. Eicosanoide (sog. PG_2 -Serie), die aus ω -6-Fettsäuren gebildet werden fördern in der Regel Entzündungsreaktionen, während Eicosanoide (sog. PG_3 -Serie) aus ω -3-Fettsäuren geringe oder keine entzündungsfördernde Wirkung haben.

Aufgrund ihrer positiven Eigenschaften hat es in der Vergangenheit nicht an Ansätzen gefehlt, Gene, die an der Synthese von Fettsäuren bzw. Triglyceriden beteiligt sind, für die Herstellung von Ölen in verschiedenen Organismen mit geändertem Gehalt an ungesättigten Fettsäuren verfügbar zu machen. So wird in WO 91/13972 und seinem US-Äquivalent eine Δ -9-Desaturase beschrieben. In WO 93/11245 wird eine Δ -15-Desaturase in WO 94/11516 wird eine Δ -12-Desaturase beansprucht. Weitere Desaturasen werden beispielsweise in EP-A-0 550 162, WO 94/18337, WO 97/30582, WO 97/21340, WO 95/18222, EP-A-0 794 250, Stukey et al., J. Biol. Chem., 265, 1990: 20144-20149, Wada et al., Nature 347, 1990: 200-203 oder Huang et al., Lipids 34, 1999: 649-659 beschrieben. Die biochemische Charakterisierung der verschiedenen Desaturasen ist jedoch bisher nur unzureichend erfolgt, da die Enzyme als membrangebundene Proteine nur sehr schwer zu isolieren und zu charakterisieren sind (McKeon et al., Methods in Enzymol. 71, 1981: 12141-12147, Wang et al., Plant Physiol. Biochem., 26, 1988: 777-792). In der Regel erfolgt die Charakterisierung membrangebundener Desaturasen durch Einbringung in einen geeigneten Organismus, der anschließend auf Enzymaktivität mittels Edukt- und Produktanalyse untersucht wird. Δ -6-Desaturasen werden in WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO00/21557 und WO 99/27111 beschrieben und auch die Anwendung zur Produktion in transgenen Organismen beschrieben wie in WO98/46763 WO98/46764, WO9846765. Dabei wird auch die Expression verschiedener Desaturasen wie in WO99/64616 oder WO98/46776 und Bildung polyungesättigter Fettsäuren beschrieben und beansprucht. Bzgl. der Effektivität der Expression von Desaturasen und ihren Einfluss auf die Bildung polyungesättigter Fettsäuren ist anzumerken, dass durch Expression einer einzelnen Desaturase wie bisher beschrieben lediglich geringe

Gehalte an ungesättigten Fettsäuren/Lipiden wie z.B. γ -Linolensäure und Stearidonsäure erreicht wurden. Weiterhin wurde in der Regel ein Gemisch aus ω -3- und ω -6-Fettsäuren erhalten.

Besonders geeignete Mikroorganismen zur Herstellung von PUFAs sind Mikroorganismen wie Mikroalgen wie *Phaeodactylum tricornutum*, *Porphiridium*-Arten, *Thraustochytrien*-Arten, *Schizochytrien*-Arten oder *Crypthecodinium*-Arten, Ciliaten, wie *Stylonychia* oder *Colpidium*, Pilze, wie *Mortierella*, *Entomophthora* oder *Mucor* und/oder Moosen wie *Physcomitrella*, *Ceratodon* und *Marchantia* (R. Vazhappilly & F. Chen (1998) *Botanica Marina* 41: 553-558; K. Totani & K. Oba (1987) *Lipids* 22: 1060-1062; M. Akimoto et al. (1998) *Appl. Biochemistry and Biotechnology* 73: 269-278). Durch Stammselektion ist eine Anzahl von Mutantenstämmen der entsprechenden Mikroorganismen entwickelt worden, die eine Reihe wünschenswerter Verbindungen, einschließlich PUFAs, produzieren. Die Mutation und Selektion von Stämmen mit verbesserter Produktion eines bestimmten Moleküls wie den mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist jedoch ein zeitraubendes und schwieriges Verfahren. Deshalb werden, wann immer möglich wie oben beschrieben gentechnologische Verfahren bevorzugt. Mit Hilfe der vorgenannten Mikroorganismen lassen sich jedoch nur begrenzte Mengen der gewünschten mehrfach ungesättigten Fettsäuren wie DPA, EPA oder ARA herstellen. Wobei diese in der Regel je nach verwendeten Mikroorganismus als Fettsäuregemische aus beispielsweise EPA, DPA und ARA anfallen.

Für die Synthese von Arachidonsäure, Eicosapentaensäure (EPA) und Docosahexaensäure (DHA) werden verschiedene Synthesewege diskutiert (Figur. 1). So erfolgt die Produktion von EPA bzw. DHA in marinen Bakterien wie *Vibrio* sp. oder *Shewanella* sp. nach dem Polyketid-Weg (Yu, R. et al. *Lipids* 35:1061-1064, 2000; Takeyama, H. et al. *Microbiology* 143:2725-2731, 1997).

Ein alternative Strategie verläuft über die wechselnde Aktivität von Desaturasen und Elongasen (Zank, T.K. et al. *Plant Journal* 31:255-268, 2002; Sakuradani, E. et al. *Gene* 238:445-453, 1999). Eine Modifikation des beschriebenen Weges über $\Delta 6$ -Desaturase, $\Delta 6$ -Elongase, $\Delta 5$ -Desaturase, $\Delta 5$ -Elongase, $\Delta 4$ -Desaturase ist der Sprecher-Syntheseweg (Sprecher 2000, *Biochim. Biophys. Acta* 1486:219-231) in Säugetieren. Anstelle der $\Delta 4$ -Desaturierung erfolgt hier ein weiterer Elongationsschritt auf C_{24} , eine weitere $\Delta 6$ -Desaturierung und abschliessend eine β -Oxidation auf die C_{22} -Kettenlänge. Für die Herstellung in Pflanzen und Mikroorganismen ist der sogenannte Sprecher-Syntheseweg (siehe Figur 1) allerdings nicht geeignet, da die Regulationsmechanismen nicht bekannt sind.

Die polyungesättigten Fettsäuren können entsprechend ihrem Desaturierungsmuster in zwei große Klassen, in ω -6- oder ω -3-Fettsäuren eingeteilt werden, die metabolisch und funktionell unterschiedlich Aktivitäten haben (Fig. 1).

Als Ausgangsprodukt für den ω -6-Stoffwechselweg fungiert die Fettsäure Linolsäure ($18:2^{\Delta 9,12}$), während der ω -3-Weg über Linolensäure ($18:3^{\Delta 9,12,15}$) abläuft. Linolensäure

wird dabei durch Aktivität einer ω -3-Desaturase gebildet (Tocher et al. 1998, Prog. Lipid Res. 37, 73-117 ; Domergue et al. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113).

Säugetiere und damit auch der Mensch verfügen über keine entsprechende Desaturaseaktivität (Δ -12- und ω -3-Desaturase) und müssen diese Fettsäuren (essentielle Fettsäuren) über die Nahrung aufnehmen. Über die Abfolge von Desaturase- und Elongase-Reaktionen werden dann aus diesen Vorstufen die physiologisch wichtigen polyungesättigten Fettsäuren Arachidonsäure (= ARA, 20:4 ^{Δ 5,8,11,14}), eine ω -6-Fettsäure und die beiden ω -3-Fettsäuren Eicosapentaen- (= EPA, 20:5 ^{Δ 5,8,11,14,17}) und Docosahexaensäure (DHA, 22:6 ^{Δ 4,7,10,13,17,19}) synthetisiert. Die Applikation von ω -3-Fettsäuren zeigt dabei die wie oben beschrieben therapeutische Wirkung bei der Behandlung von Herz-Kreislaufkrankheiten (Shimikawa 2001, World Rev. Nutr. Diet. 88, 100-108), Entzündungen (Calder 2002, Proc. Nutr. Soc. 61, 345-358) und Arthritis (Cleland und James 2000, J. Rheumatol. 27, 2305-2307).

Aus ernährungsphysiologischer Sicht ist es deshalb wichtig bei der Synthese mehrfach ungesättigter Fettsäuren eine Verschiebung zwischen dem ω -6-Syntheseweg und dem ω -3-Syntheseweg (siehe Figur 1) zu erreichen, so dass mehr ω -3-Fettsäuren hergestellt werden. In der Literatur wurden die enzymatischen Aktivitäten verschiedener ω -3-Desaturasen beschrieben, die C_{18:2}-, C_{22:4}- oder C_{22:5}-Fettsäuren desaturieren (siehe Figur 1). Keine der biochemisch beschriebenen Desaturasen setzt jedoch ein breites Substratspektrum des ω -6-Synthesewegs zu den entsprechenden Fettsäuren des ω -3-Syntheseweg um.

Es besteht daher weiterhin ein großer Bedarf an einer ω -3-Desaturase, die zur Herstellung von ω -3-polyungesättigte Fettsäuren geeignet ist. Alle bekannten pflanzlichen und cyanobakteriellen ω -3-Desaturasen desaturieren C₁₈-Fettsäuren mit Linolsäure als Substrat, können aber keine C₂₀- oder C₂₂-Fettsäuren desaturieren.

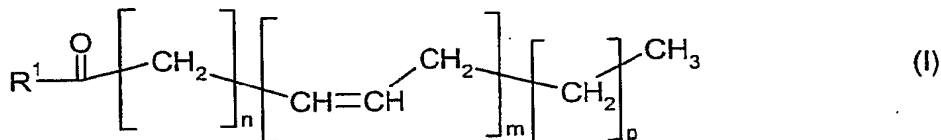
Von dem Pilz *Saprolegnia dicilina* ist eine ω -3-Desaturase bekannt [Pereira et al. 2004, Biochem. J. 378(Pt 2):665-71], die C₂₀-mehrfach ungesättigte Fettsäuren desaturieren kann. Von Nachteil ist jedoch, dass diese ω -3-Desaturase keine C₁₈- oder C₂₂-PUFAs, wie den wichtigen Fettsäuren C_{18:2}-, C_{22:4}- oder C_{22:5}-Fettsäuren des ω -6-Syntheseweg desaturieren kann. Ein weiterer Nachteil dieses Enzyms ist, dass es keine Fettsäuren desaturieren kann, die an Phospholipide gebunden sind. Es werden nur die CoA-Fettsäureester umgesetzt.

Die Verlängerung von Fettsäuren durch Elongasen um 2 bzw. 4 C-Atome ist für die Produktion von C₂₀- bzw. C₂₂-PUFAs von entscheidender Bedeutung. Dieser Prozess verläuft über 4 Stufen. Der erste Schritt stellt die Kondensation von Malonyl-CoA an das Fettsäure-Acyl-CoA durch die Ketoacyl-CoA-Synthase (KCS, im weiteren Text als Elongase bezeichnet). Es folgt dann ein Reduktionsschritt (Ketoacyl-CoA-Reduktase, KCR), ein Dehydratationsschritt (Dehydratase) und ein abschliessender Reduktionsschritt (enoyl-CoA-Reduktase). Es wurde postuliert, dass die Aktivität der Elongase die Spezifität und Geschwindigkeit des gesamten Prozesses beeinflussen (Millar and Kunst, 1997 Plant Journal 12:121-131).

- In der Vergangenheit wurden zahlreiche Versuche unternommen, Elongase Gene zu erhalten. Millar and Kunst, 1997 (Plant Journal 12:121-131) und Millar et al. 1999, (Plant Cell 11:825-838) beschreiben die Charakterisierung von pflanzlichen Elongasen zur Synthese von einfachungesättigten langkettigen Fettsäuren (C22:1) bzw. zur
- 5 Synthese von sehr langkettigen Fettsäuren für die Wachsbildung in Pflanzen (C₂₈-C₃₂). Beschreibungen zur Synthese von Arachidonsäure und EPA finden sich beispielsweise in WO0159128, WO012720, WO02077213 und WO0208401. Die Synthese von mehrfachungesättigter C24 Fettsäuren ist beispielsweise in Tvrdik et al 2000, JCB 149:707-717 oder WO0244320 beschrieben.
- 10 Zur Herstellung von DHA (C22:6 n-3) in Organismen, die diese Fettsäure natürlicherweise nicht produzieren, wurde bisher keine spezifische Elongase beschrieben. Bisher wurden nur Elongasen beschrieben, die C₂₀- bzw. C₂₄-Fettsäuren bereitstellen. Eine Δ -5-Elongase-Aktivität wurde bisher noch nicht beschrieben.
- 15 Höhere Pflanzen enthalten mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie Linolsäure (C18:2) und Linolensäure (C18:3). ARA, EPA und DHA kommen im Samenöl höherer Pflanzen gar nicht oder nur in Spuren vor (É. Ucciani: Nouveau Dictionnaire des Huiles Végétales. Technique & Documentation – Lavoisier, 1995. ISBN: 2-7430-0009-0). Es wäre jedoch vorteilhaft, in höheren Pflanzen, bevorzugt in Ölsaaten wie Raps, Lein, Sonnenblume und Soja, LCPUFAs herzustellen, da auf diese Weise große Mengen qualitativ
- 20 hochwertiger LCPUFAs für die Lebensmittelindustrie, die Tierernährung und für pharmazeutische Zwecke kostengünstig gewonnen werden können. Hierzu müssen vorteilhaft über gentechnische Methoden Gene kodierend für Enzyme der Biosynthese von LCPUFAs in Ölsaaten eingeführt und exprimiert werden. Dies sind Gene, die beispielsweise für Δ -6-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen oder Δ -4-
- 25 Desaturasen codieren. Diese Gene können vorteilhaft aus Mikroorganismen und niederen Pflanzen isoliert werden, die LCPUFAs herstellen und in den Membranen oder Triacylglyceriden einbauen. So konnten bereits Δ -6-Desaturase-Gene aus dem Moos Physcomitrella patens und Δ -6-Elongase-Gene aus P. patens und dem Nematoden C. elegans isoliert.
- 30 Erste transgene Pflanzen, die Gene kodierend für Enzyme der LCPUFA-Biosynthese enthalten und exprimieren und LCPUFAs produzieren wurden beispielsweise in DE 102 19 203 (Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in Pflanzen) erstmals beschrieben. Diese Pflanzen produzieren allerdings LCPUFAs in Mengen, die für eine Aufarbeitung der in den Pflanzen enthaltenen Öle noch weiter
- 35 optimiert werden müssen.
- Um eine Anreicherung der Nahrung und/oder des Futters mit diesen mehrfach ungesättigten Fettsäuren zu ermöglichen, besteht daher ein großer Bedarf an einem einfachen, kostengünstigen Verfahren zur Herstellung dieser mehrfach ungesättigten Fettsäuren speziell in eukaryontischen Systemen.
- 40 Es bestand daher die Aufgabe weitere Gene bzw. Enzyme, die für die Synthese von LCPUFAs geeignet sind, speziell Gene, die eine Δ -5-Elongase-, eine Δ -5-Desaturase-,

Δ -4-Desaturase-, Δ -12-Desaturase- oder Δ -6-Desaturaseaktivität aufweisen, für die Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren zur Verfügung zu stellen. Eine weitere Aufgabe dieser Erfindung war die Bereitstellung von Genen bzw. Enzymen, die eine Verschiebung von den ω -6-Fettsäuren zu den ω -3-Fettsäuren hin ermöglichen.

- 5 Weiterhin bestand die Aufgabe ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus vorteilhaft in einem eukaryontischen Organismus bevorzugt in einer Pflanze oder einem Mikroorganismus zu entwickeln. Diese Aufgabe wurde durch das erfindungsgemäße Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I



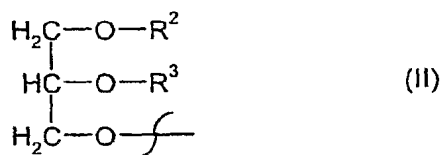
10

in transgenen Organismen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% dieser Verbindungen bezogen auf den Gesamtlipidgehalt des transgenen Organismus, dadurch gekennzeichnet, dass es folgende Verfahrensschritte umfasst:

- 15 a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -9-Elongase- und/oder eine Δ -6-Desaturase-Aktivität codiert, und
- b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -8-Desaturase- und/oder eine Δ -6-Elongase-Aktivität codiert, und
- c) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -5-Desaturase-Aktivität codiert, und
- 20 d) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -5-Elongase-Aktivität codiert, und
- e) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -4-Desaturase-Aktivität codiert, und

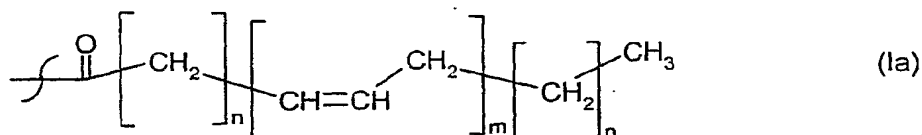
wobei die Variablen und Substituenten in der Formel I die folgende Bedeutung haben:

- 25 $\text{R}^1 =$ Hydroxyl-, CoenzymA-(Thioester), Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol-, Sphingobase-, oder einen Rest der allgemeinen Formel II



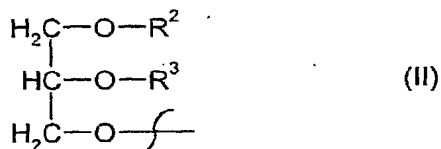
5 $\text{R}^2 =$ Wasserstoff-, Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol- oder gesättigtes oder ungesättigtes $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-,

$\text{R}^3 =$ Wasserstoff-, gesättigtes oder ungesättigtes $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-, oder R^2 oder R^3 unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia:



10 $n = 2, 3, 4, 5, 6, 7$ oder 9, $m = 2, 3, 4, 5$ oder 6 und $p = 0$ oder 3, gelöst.

R^1 bedeutet in der allgemeinen Formel I Hydroxyl-, CoenzymA-(Thioester), Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol-, Sphingobase-, oder einen Rest der allgemeinen Formel II



15

Die oben genannten Reste von R^1 sind immer in Form ihrer Thioester an die Verbindungen der allgemeinen Formel I gebunden.

20 R^2 bedeutet in der allgemeinen Formel II Wasserstoff-, Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol- oder gesättigtes oder ungesättigtes $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-,

25 Als Alkylreste seien substituiert oder unsubstituiert, gesättigt oder ungesättigte $\text{C}_2\text{-C}_{24}$ -Alkylcarbonyl-Ketten wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-, n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Hepta-

- decylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- or n-Tetracosanylcarbonyl- genannt, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-,
- 5 n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten, sind bevorzugt. Besonders bevorzugt sind gesättigte und/oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-,
- 10 C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonylreste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonylreste, die ein oder mehrere Doppelbindungen
- 15 enthalten. Diese vorteilhaften Reste können zwei, drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen enthalten. Die besonders vorteilhaften Reste mit 20 oder 22 Kohlenstoffatomen in der Fettsäurekette enthalten bis zu sechs Doppelbindungen, vorteilhaft drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen, besonders bevorzugt fünf oder sechs Doppelbindungen. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.
- 20 R³ bedeutet in der allgemeinen Formel II Wasserstoff-, gesättigtes oder ungesättigtes C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl.

- Als Alkylreste seien substituiert oder unsubstituiert, gesättigt oder ungesättigte C₂-C₂₄-Alkylcarbonyl-Ketten wie Ethylcarbonyl-, n-Propylcarbonyl-, n-Butylcarbonyl-, n-Pentylcarbonyl-, n-Hexylcarbonyl-, n-Heptylcarbonyl-, n-Octylcarbonyl-, n-Nonylcarbonyl-,
- 25 n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-, n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- or n-Tetracosanylcarbonyl- genannt, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Gesättigte oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie n-Decylcarbonyl-, n-Undecylcarbonyl-, n-Dodecylcarbonyl-, n-Tridecylcarbonyl-,
- 30 n-Tetradecylcarbonyl-, n-Pentadecylcarbonyl-, n-Hexadecylcarbonyl-, n-Heptadecylcarbonyl-, n-Octadecylcarbonyl-, n-Nonadecylcarbonyl-, n-Eicosylcarbonyl-, n-Docosanylcarbonyl- oder n-Tetracosanylcarbonyl-, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten, sind bevorzugt. Besonders bevorzugt sind gesättigte und/oder ungesättigte C₁₀-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₀-Alkylcarbonyl-, C₁₁-Alkylcarbonyl-,
- 35 C₁₂-Alkylcarbonyl-, C₁₃-Alkylcarbonyl-, C₁₄-Alkylcarbonyl-, C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonylreste, die ein oder mehrere Doppelbindungen enthalten. Ganz besonders bevorzugt sind gesättigte oder ungesättigte C₁₆-C₂₂-Alkylcarbonylreste wie C₁₆-Alkylcarbonyl-, C₁₈-Alkylcarbonyl-, C₂₀-Alkylcarbonyl- oder C₂₂-Alkylcarbonylreste, die ein oder mehrere Doppelbindungen
- 40 enthalten. Diese vorteilhaften Reste können zwei, drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen enthalten. Die besonders vorteilhaften Reste mit 20 oder 22 Kohlenstoffatomen in der Fettsäurekette enthalten bis zu sechs Doppelbindungen, vorteilhaft drei,

vier, fünf oder sechs Doppelbindungen, besonders bevorzugt fünf oder sechs Doppelbindungen. Alle genannten Reste leiten sich von den entsprechenden Fettsäuren ab.

Die oben genannten Reste von R^1 , R^2 and R^3 können mit Hydroxyl- und/oder Epoxygruppen substituierte sein und/oder können Dreifachbindungen enthalten.

- 5 Vorteilhaft enthalten die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens zwei vorteilhaft drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen. Besonders vorteilhaft enthalten die Fettsäuren vier fünf oder sechs Doppelbindungen. Im Verfahren hergestellte Fettsäuren haben vorteilhaft 18-, 20- oder 22-C-Atome in der Fettsäurekette, bevorzugt enthalten die Fettsäuren 20 oder 22 Kohlenstoffatome in der Fettsäurekette. Vorteilhaft werden gesättigte Fettsäuren mit den im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren wenig oder gar nicht umgesetzt. Unter wenig ist zu verstehen, das im Vergleich zu mehrfach ungesättigten Fettsäuren die gesättigten Fettsäuren mit weniger als 5 % der Aktivität, vorteilhaft weniger als 3 %, besonders vorteilhaft mit weniger als 2 %, ganz besonders bevorzugt mit weniger als 1; 0,5; 0,25 oder 0,125 % umgesetzt werden. Diese hergestellten Fettsäuren können als einziges Produkt im Verfahren hergestellt werden oder in einem Fettsäuregemisch vorliegen.

- Bei den im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen handelt es sich um isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- und/oder Δ -4-Desaturaseaktivität codieren.

Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturaseaktivität codieren, verwendet ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:

- 25 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, 30 SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 35 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz, oder
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von den in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, 40 SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18,

5 SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28,
 SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38,
 SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48,
 SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62,
 10 SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72,
 SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82,
 SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94,
 SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO:
 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ
 15 ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder
 SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenzen ableiten lassen, oder

c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7,
 SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17,
 SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27,
 15 SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37,
 SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47,
 SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61,
 SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71,
 SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81,
 20 SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93,
 SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO:
 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ
 ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID
 NO: 183 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens
 25 40 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID
 NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID
 NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID
 NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID
 NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID
 30 NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID
 NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID
 NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID
 NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID
 NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ
 35 ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO:
 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ
 ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 codieren und eine Δ -9-Elongase-, Δ -6-
 Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase-
 oder Δ -4-Desaturaseaktivität aufweisen.

40 Vorteilhaft bedeuten die Substituenten R^2 oder R^3 in den allgemeinen Formeln I und II
 unabhängig voneinander gesättigtes oder ungesättigtes C_{18} - C_{22} -Alkylcarbonyl-,
 besonders vorteilhaft bedeuten sie unabhängig voneinander ungesättigtes C_{18} -, C_{20} -
 oder C_{22} -Alkylcarbonyl- mit mindestens zwei Doppelbindungen.

Eine bevorzugte Ausführungsform des Verfahrens ist dadurch gekennzeichnet, dass eine Nukleinsäuresequenz zusätzlich in den Organismus eingebracht wird, die für Polypeptide mit ω -3-Desaturase-Aktivität codiert, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:

- 5 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Sequenz, oder
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 10 c) Derivate der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 codieren und eine ω 3-Desaturaseaktivität aufweisen.

15 In einer weiteren bevorzugten Ausführungsform ist das Verfahren dadurch gekennzeichnet, dass eine Nukleinsäuresequenz zusätzlich in den Organismus eingebracht wird, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturaseaktivität codiert, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Sequenz, oder
- 20 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 codieren und eine Δ -12-Desaturaseaktivität aufweisen.

30 Diese vorgenannten Δ -12-Desaturasesequenzen können allein oder in Kombination mit den ω 3-Desaturasesequenzen mit den im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen und/oder Δ -4-Desaturasen codieren verwendet werden.

Tabelle 1 gibt die Nukleinsäuresequenzen, den Herkunftsorganismus und die Sequenz-ID-Nummer wieder.

Nr.	Organismus	Aktivität	Sequenznummer
1.	<i>Euglena gracilis</i>	Δ -8-Desaturase	SEQ ID NO: 1
2.	<i>Isochrysis galbana</i>	Δ -9-Elongase	SEQ ID NO: 3
3.	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 5
4.	<i>Ceratodon purpureus</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 7
5.	<i>Physcomitrella patens</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 9
6.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 11
7.	<i>Mortierella alpina</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 13
8.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 15
9.	<i>Borago officinalis</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 17
10.	<i>Ceratodon purpureus</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 19
11.	<i>Phaeodactylum tricornutum</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 21
12.	<i>Physcomitrella patens</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 23
13.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 25
14.	<i>Physcomitrella patens</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 27
15.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 29
16.	<i>Phytophthora infestans</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 31
17.	<i>Mortierella alpina</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 33
18.	<i>Mortierella alpina</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 35
19.	<i>Caenorhabditis elegans</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 37
20.	<i>Euglena gracilis</i>	Δ -4-Desaturase	SEQ ID NO: 39
21.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	Δ -4-Desaturase	SEQ ID NO: 41
22.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 43
23.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 45
24.	<i>Cryptocodinium cohnii</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 47
25.	<i>Cryptocodinium cohnii</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 49
26.	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 51
27.	<i>Oncorhynchus mykiss</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 53
28.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 59

Nr.	Organismus	Aktivität	Sequenznummer
29.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 61
30.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 63
31.	<i>Thraustochytrium aureum</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 65
32.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 67
33.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 69
34.	<i>Primula farinosa</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 71
35.	<i>Primula vialii</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 73
36.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 75
37.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 77
38.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 79
39.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 81
40.	<i>Thraustochytrium</i> sp.	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 83
41.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 85
42.	<i>Phytophthora infestans</i>	ω -3-Desaturase	SEQ ID NO: 87
43.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 89
44.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 91
45.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 93
46.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -4-Desaturase	SEQ ID NO: 95
47.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -6-Desaturase	SEQ ID NO: 97
48.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 99
49.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -5-Desaturase	SEQ ID NO: 101
50.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -4-Desaturase	SEQ ID NO: 103
51.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	ω -3-Desaturase	SEQ ID NO: 105
52.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -12-Desaturase	SEQ ID NO: 107
53.	<i>Thalassiosira pseudonana</i>	Δ -12-Desaturase	SEQ ID NO: 109
54.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 111
55.	<i>Ostreococcus tauri</i>	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 113
56.	<i>Xenopus laevis</i> (BC044967)	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 117
57.	<i>Ciona intestinalis</i> (AK112719)	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 119

Nr.	Organismus	Aktivität	Sequenznummer
58.	Euglena gracilis	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 131
59.	Euglena gracilis	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 133
60.	Arabidopsis thaliana	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 135
61.	Arabidopsis thaliana	Δ -5-Elongase	SEQ ID NO: 137
62.	Phaeodactylum tricornutum	Δ -6-Elongase	SEQ ID NO: 183

Die im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren sind vorteilhaft in Membranlipiden und/oder Triacylglyceriden gebunden, können aber auch als freie Fettsäuren oder aber gebunden in Form anderer Fettsäureester in den Organismen vorkommen. Dabei können sie als "Reinprodukte" oder aber vorteilhaft in Form von Mischungen verschiedener Fettsäuren oder Mischungen unterschiedlicher Glyceride vorliegen. Die in den Triacylglyceriden gebundenen verschiedenen Fettsäuren lassen sich dabei von kurzkettigen Fettsäuren mit 4 bis 6 C-Atomen, mittelkettigen Fettsäuren mit 8 bis 12 C-Atomen oder langkettigen Fettsäuren mit 14 bis 24 C-Atomen ableiten, bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren besonders bevorzugt sind die langkettigen Fettsäuren LCPUFAs von C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuren.

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden vorteilhaft Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäureester, vorteilhaft mit mindestens drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäureester, besonders vorteilhaft von mindestens fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäureester hergestellt und führen vorteilhaft zur Synthese von Linolsäure (=LA, C18:2^{Δ^{9,12}}), γ -Linolensäure (= GLA, C18:3^{Δ^{6,9,12}}), Stearidonsäure (= SDA, C18:4^{Δ^{6,9,12,15}}), Dihomo- γ -Linolensäure (= DGLA, 20:3^{Δ^{8,11,14}}), ω -3-Eicosatetraensäure (= ETA, C20:4^{Δ^{5,8,11,14}}), Arachidonsäure (ARA, C20:4^{Δ^{5,8,11,14}}), Eicosapentaensäure (EPA, C20:5^{Δ^{5,8,11,14,17}}), ω -6-Docosapentaensäure (C22:5^{Δ^{4,7,10,13,16}}), ω -6-Docosatetraensäure (C22:4^{Δ^{7,10,13,16}}), ω -3-Docosapentaensäure (= DPA, C22:5^{Δ^{7,10,13,16,19}}), Docosahexaensäure (= DHA, C22:6^{Δ^{4,7,10,13,16,19}}) oder deren Mischungen, bevorzugt ARA, EPA und/oder DHA. Ganz besonders bevorzugt werden, ω -3-Fettsäuren wie EPA und/oder DHA hergestellt.

Die Fettsäureester mit mehrfach ungesättigten C₁₈-, C₂₀- und/oder C₂₂-Fettsäuremolekülen können aus den Organismen, die für die Herstellung der Fettsäureester verwendet wurden, in Form eines Öls oder Lipids beispielsweise in Form von Verbindungen wie Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide wie Glycosphingolipide, Phospholipide wie Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylcholin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerol, Phosphatidylinositol oder Diphosphatidylglycerol, Monoacylglyceride, Diacylglyceride, Triacylglyceride oder sonstige Fettsäureester wie die AcetylCoenzymA-Ester, die die mehrfach ungesättigten Fettsäuren mit mindestens zwei, drei, vier, fünf oder sechs bevorzugt fünf oder sechs Doppelbindungen enthalten, isoliert werden, vorteilhaft werden sie in der Form ihrer Diacylglyceride, Triacylglyceride und/oder in Form des Phosphatidylcholin isoliert, besonders bevorzugt in der Form der

Triacylglyceride. Neben diesen Estern sind die mehrfach ungesättigten Fettsäuren auch als freie Fettsäuren oder gebunden in anderen Verbindungen in den Organismen vorteilhaft den Pflanzen enthalten. In der Regel liegen die verschiedenen vorgenannten Verbindungen (Fettsäureester und frei Fettsäuren) in den Organismen in einer ungefähren Verteilung von 80 bis 90 Gew.-% Triglyceride, 2 bis 5 Gew.-% Diglyceride, 5 bis 10 Gew.-% Monoglyceride, 1 bis 5 Gew.-% freie Fettsäuren, 2 bis 8 Gew.-% Phospholipide vor, wobei sich die Summe der verschiedenen Verbindungen zu 100 Gew.-% ergänzt.

Im erfindungsgemäßen Verfahren werden die hergestellten LCPUFAs mit einem Gehalt von mindestens 3 Gew.-%, vorteilhaft von mindestens 5 Gew.-%, bevorzugt von mindestens 8 Gew.-%, besonders bevorzugt von mindestens 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt von mindestens 15 Gew.-% bezogen auf die gesamten Fettsäuren in den transgenen Organismen vorteilhaft in einer transgenen Pflanze hergestellt. Dabei werden vorteilhaft C₁₈- und/oder C₂₀-Fettsäuren, die in den Wirtsorganismen vorhanden sind, zu mindestens 10 %, vorteilhaft zu mindestens 20 %, besonders vorteilhaft zu mindestens 30 %, ganz besonders vorteilhaft zu mindestens 40 % in die entsprechenden Produkte wie DPA oder DHA, um nur zwei beispielhaft zu nennen, umgesetzt. Vorteilhaft werden die Fettsäuren in gebundener Form hergestellt. Mit Hilfe der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren lassen sich diese ungesättigten Fettsäuren an sn1-, sn2- und/oder sn3-Position der vorteilhaft hergestellten Triglyceride bringen. Da im erfindungsgemäßen Verfahren von den Ausgangsverbindungen Linolsäure (C18:2) bzw. Linolensäure (C18:3) mehrere Reaktionsschritte durchlaufen werden, fallen die Endprodukte des Verfahrens wie beispielsweise Arachidonsäure (ARA), Eicosapentaensäure (EPA), ω -6-Docosapentaensäure oder DHA nicht als absolute Reinprodukte an, es sind immer auch geringe Spuren der Vorstufen im Endprodukt enthalten. Sind in dem Ausgangsorganismus bzw. in der Ausgangspflanze beispielsweise sowohl Linolsäure als auch Linolensäure vorhanden, so liegen die Endprodukte wie ARA, EPA oder DHA als Mischungen vor. Die Vorstufen sollten vorteilhaft nicht mehr als 20 Gew.-%, bevorzugt nicht mehr als 15 Gew.-%, besonders bevorzugt nicht mehr als 10 Gew.-%, ganz besonders bevorzugt nicht mehr als 5 Gew.-% bezogen auf die Menge des jeweiligen Endprodukts betragen. Vorteilhaft werden in einer transgenen Pflanze als Endprodukte nur ARA, EPA oder nur DHA im erfindungsgemäßen Verfahren gebunden oder als freie Säuren hergestellt. Werden die Verbindungen ARA, EPA und DHA gleichzeitig hergestellt, werden sie vorteilhaft in einem Verhältnis von mindesten 1:1:2 (EPA:ARA:DHA), vorteilhaft von mindestens 1:1:3, bevorzugt von 1:1:4, besonders bevorzugt von 1:1:5 hergestellt.

Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische, die nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellt wurden, enthalten vorteilhaft 6 bis 15 % Palmitinsäure, 1 bis 6 % Stearinsäure; 7 – 85 % Ölsäure; 0,5 bis 8 % Vaccensäure, 0,1 bis 1 % Arachinsäure, 7 bis 25 % gesättigte Fettsäuren, 8 bis 85 % einfach ungesättigte Fettsäuren und 60 bis 85 % mehrfach ungesättigte Fettsäuren jeweils bezogen auf 100 % und auf den Gesamtfettsäuregehalt der Organismen. Als vorteilhafte mehrfach ungesättigte Fettsäure sind in den Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische bevorzugt mindestens

0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 oder 1 % bezogen auf den Gesamtfettsäuregehalt an Arachidonsäure enthalten. Weiterhin enthalten die Fettsäureester bzw.

Fettsäuregemische, die nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellt wurden, vorteilhaft Fettsäuren ausgewählt aus der Gruppe der Fettsäuren Erucasäure (13-

5 Docosaensäure), Sterculinsäure (9,10-Methylene octadec-9-enonsäure), Malvalinsäure (8,9-Methylen Heptadec-8-enonsäure), Chaulmoogrinsäure (Cyclopentendodecansäure), Furan-Fettsäure (9,12-Epoxy-octadeca-9,11-dienonsäure), Vernonsäure (9,10-Epoxyoctadec-12-enonsäure), Tarinsäure (6-Octadecynonsäure), 6-

10 Octadecenynonsäure, Pyrulinsäure (11-Heptadecen-8-ynonsäure), Crepenyninsäure (9-Octadecen-12-ynonsäure), 13,14-Dihydrooropheinsäure, Octadecen-13-ene-9,11-diynonsäure, Petroselensäure (cis-6-Octadecenonsäure), 9c,12t-Octadecadiensäure, Calendulasäure (8t10t12c-Octadecatriensäure), Catalpinsäure (9t11t13c-

15 Octadecatriensäure), Eleosterinsäure (9c11t13t-Octadecatriensäure), Jacarinsäure (8c10t12c-Octadecatriensäure), Punicinsäure (9c11t13c-Octadecatriensäure), Parinarinsäure (9c11t13t15c-Octadecatetraensäure), Pinolensäure (all-cis-5,9,12-Octadecatriensäure), Laballensäure (5,6-Octadecadienallensäure), Ricinolsäure (12-Hydroxyölsäure) und/oder Coriolinsäure (13-Hydroxy-9c,11t-Octadecadienonsäure).

Die vorgenannten Fettsäuren kommen in den nach dem erfindungsgemäßen Verfahren

20 hergestellten Fettsäureester bzw. Fettsäuregemischen in der Regel vorteilhaft nur in Spuren vor, das heißt sie kommen bezogen auf die Gesamtfettsäuren zu weniger als 30 %, bevorzugt zu weniger als 25 %, 24 %, 23 %, 22 % oder 21 %, besonders bevorzugt zu weniger als 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % oder 5 %, ganz

25 bevorzugt zu weniger als 4 %, 3 %, 2 % oder 1 % vor. In einer weiteren bevorzugten Form der Erfindung kommen diese vorgenannten Fettsäuren bezogen auf die Gesamtfettsäuren zu weniger als 0,9%; 0,8%; 0,7%; 0,6%; oder 0,5%, besonders bevorzugt zu weniger als 0,4%; 0,3%; 0,2%; 0,1% vor. Vorteilhaft enthalten die nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische weniger als 0,1 % bezogen auf die Gesamtfettsäuren und/oder keine Buttersäure,

30 kein Cholesterin, keine Clupanodonsäure (= Docosapentaensäure, C22:5^{Δ4,8,12,15,21}) sowie keine Nisinsäure (Tetracosahexaensäure, C23:6^{Δ3,8,12,15,18,21}).

Durch die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen bzw. im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen kann eine Steigerung der Ausbeute an mehrfach ungesättigten Fettsäuren von mindestens 50 %, vorteilhaft von mindestens

35 80 %, besonders vorteilhaft von mindestens 100 %, ganz besonders vorteilhaft von mindestens 150 % gegenüber den nicht transgenen Ausgangsorganismus beispielsweise einer Hefe, einer Alge, einem Pilz oder einer Pflanze wie Arabidopsis oder Lein beim Vergleich in der GC-Analyse siehe Beispiele erreicht werden.

Auch chemisch reine mehrfach ungesättigte Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind nach den vorbeschriebenen Verfahren darstellbar. Dazu werden die

40 Fettsäuren oder die Fettsäurezusammensetzungen aus dem Organismus wie den Mikroorganismen oder den Pflanzen oder dem Kulturmedium, in dem oder auf dem die Organismen angezogen wurden, oder aus dem Organismus und dem Kulturmedium in

bekannter Weise beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation, Chromatographie oder Kombinationen dieser Methoden isoliert. Diese chemisch reinen Fettsäuren oder Fettsäurezusammensetzungen sind für Anwendungen im Bereich der Lebensmittelindustrie, der Kosmetikindustrie und besonders der Pharmaindustrie vorteilhaft.

Als Organismus für die Herstellung im erfindungsgemäßen Verfahren kommen prinzipiell alle Organismen wie Mikroorganismen, nicht-humane Tiere oder Pflanzen in Frage.

Als Pflanzen kommen prinzipiell alle Pflanzen in Frage, die in der Lage sind Fettsäuren zu synthetisieren wie alle dicotylen oder monokotylen Pflanzen, Algen oder Moose. Vorteilhaft Pflanzen sind ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzenfamilien Adolotheciaceae, Anacardiaceae, Asteraceae, Apiaceae, Betulaceae, Boraginaceae, Brassicaceae, Bromeliaceae, Caricaceae, Cannabaceae, Convolvulaceae, Chenopodiaceae, Crypthecodiniaceae, Cucurbitaceae, Ditrichaceae, Elaeagnaceae, Ericaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Geraniaceae, Gramineae, Juglandaceae, Lauraceae, Leguminales, Linaceae, Euglenaceae, Prasinophyceae oder Gemüsepflanzen oder Zierpflanzen wie Tagetes in Betracht.

Beispielhaft seien die folgenden Pflanzen genannt ausgewählt aus der Gruppe:

Adolotheciaceae wie die Gattungen *Physcomitrella* z.B. die Gattung und Arten *Physcomitrella patens*, Anacardiaceae wie die Gattungen *Pistacia*, *Mangifera*, *Anacardium* z.B. die Gattung und Arten *Pistacia vera* [Pistazie], *Mangifer indica* [Mango] oder *Anacardium occidentale* [Cashew], Asteraceae wie die Gattungen *Calendula*, *Carthamus*, *Centaurea*, *Cichorium*, *Cynara*, *Helianthus*, *Lactuca*, *Locusta*, *Tagetes*, *Valeriana* z.B. die Gattung und Arten *Calendula officinalis* [Garten-Ringelblume], *Carthamus tinctorius* [Färberdistel, safflower], *Centaurea cyanus* [Kornblume], *Cichorium intybus* [Wegwarte], *Cynara scolymus* [Artichoke], *Helianthus annuus* [Sonnenblume], *Lactuca sativa*, *Lactuca crispera*, *Lactuca esculenta*, *Lactuca scariola* L. ssp. *sativa*, *Lactuca scariola* L. var. *integrata*, *Lactuca scariola* L. var. *integrifolia*, *Lactuca sativa* subsp. *romana*, *Locusta communis*, *Valeriana locusta* [Salat], *Tagetes lucida*, *Tagetes erecta* oder *Tagetes tenuifolia* [Studentenblume], Apiaceae wie die Gattung *Daucus* z.B. die Gattung und Art *Daucus carota* [Karotte], Betulaceae wie die Gattung *Corylus* z.B. die Gattungen und Arten *Corylus avellana* oder *Corylus colurna* [Haselnuss], Boraginaceae wie die Gattung *Borago* z.B. die Gattung und Art *Borago officinalis* [Borretsch], Brassicaceae wie die Gattungen *Brassica*, *Camelina*, *Melanosinapis*, *Sinapis*, *Arabidopsis* z.B. die Gattungen und Arten *Brassica napus*, *Brassica rapa* ssp. [Raps], *Sinapis arvensis* *Brassica juncea*, *Brassica juncea* var. *juncea*, *Brassica juncea* var. *crispifolia*, *Brassica juncea* var. *foliosa*, *Brassica nigra*, *Brassica sinapioides*, *Camelina sativa*, *Melanosinapis communis* [Senf], *Brassica oleracea* [Futterrübe] oder *Arabidopsis thaliana*, Bromeliaceae wie die Gattungen *Anana*, *Bromelia* (Ananas) z.B. die Gattungen und Arten *Anana comosus*, *Ananas ananas* oder *Bromelia comosa* [Ananas], Caricaceae wie die Gattung *Carica* wie die Gattung und Art *Carica papaya* [Papaya], Cannabaceae wie die Gattung *Cannabis* wie die Gattung und Art *Cannabis*

- sative [Hanf], Convolvulaceae wie die Gattungen *Ipomea*, *Convolvulus* z.B. die Gattungen und Arten *Ipomoea batatas*, *Ipomoea pandurata*, *Convolvulus batatas*, *Convolvulus tiliaceus*, *Ipomoea fastigiata*, *Ipomoea tiliacea*, *Ipomoea triloba* oder *Convolvulus panduratus* [Süßkartoffel, Batate], Chenopodiaceae wie die Gattung Beta
- 5 wie die Gattungen und Arten *Beta vulgaris*, *Beta vulgaris* var. *altissima*, *Beta vulgaris* var. *Vulgaris*, *Beta maritima*, *Beta vulgaris* var. *perennis*, *Beta vulgaris* var. *conditiva* oder *Beta vulgaris* var. *esculenta* [Zuckerrübe], Cryptecodiniaceae wie die Gattung Cryptecodinium z.B. die Gattung und Art *Cryptecodinium cohnii*, Cucurbitaceae wie die Gattung Cucurbita z.B. die Gattungen und Arten *Cucurbita maxima*, *Cucurbita*
- 10 *mixta*, *Cucurbita pepo* oder *Cucurbita moschata* [Kürbis], Cymbellaceae wie die Gattungen Amphora, Cymbella, Okedenia, Phaeodactylum, Reimeria z.B. die Gattung und Art *Phaeodactylum tricornutum*, Ditrichaceae wie die Gattungen Ditrichaceae, Astomiopsis, Ceratodon, Chrysoblastella, Ditrichum, Distichium, Eccremidium, Lophidion, Philibertiella, Pleuridium, Saelania, Trichodon, Skottsbergia z.B. die
- 15 Gattungen und Arten *Ceratodon antarcticus*, *Ceratodon columbiae*, *Ceratodon heterophyllus*, *Ceratodon purpurascens*, *Ceratodon purpureus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *convolutus*, *Ceratodon purpureus* ssp. *stenocarpus*, *Ceratodon purpureus* var. *rotundifolius*, *Ceratodon ratodon*, *Ceratodon stenocarpus*, *Chrysoblastella chilensis*, *Ditrichum ambiguum*, *Ditrichum brevisetum*, *Ditrichum crispatisimum*, *Ditrichum*
- 20 *difficile*, *Ditrichum falcifolium*, *Ditrichum flexicaule*, *Ditrichum giganteum*, *Ditrichum heteromallum*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum lineare*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum montanum*, *Ditrichum pallidum*, *Ditrichum punctulatum*, *Ditrichum pusillum*, *Ditrichum pusillum* var. *tortile*, *Ditrichum rhynchostegium*, *Ditrichum schimperi*, *Ditrichum tortile*, *Distichium capillaceum*, *Distichium hagenii*, *Distichium inclinatum*, *Distichium macounii*,
- 25 *Eccremidium floridanum*, *Eccremidium whiteleggei*, *Lophidion strictus*, *Pleuridium acuminatum*, *Pleuridium alternifolium*, *Pleuridium holdridgei*, *Pleuridium mexicanum*, *Pleuridium ravenelii*, *Pleuridium subulatum*, *Saelania glaucescens*, *Trichodon borealis*, *Trichodon cylindricus* oder *Trichodon cylindricus* var. *oblongus*, Elaeagnaceae wie die Gattung Elaeagnus z.B. die Gattung und Art *Olea europaea* [Olive], Ericaceae wie die
- 30 Gattung *Kalmia* z.B. die Gattungen und Arten *Kalmia latifolia*, *Kalmia angustifolia*, *Kalmia microphylla*, *Kalmia polifolia*, *Kalmia occidentalis*, *Cistus chamaerhodendros* oder *Kalmia lucida* [Berglorbeer], Euglenaceae wie die Gattungen Ascoglena, Astasia, Colacium, Cyclidiopsis, Euglena, Euglenopsis, Hyalaphacus, Khawkinea, Lepocinclis, Phacus, Strombomonas, Trachelomonas z.B. die Gattung und Art *Euglena gracilis*;
- 35 Euphorbiaceae wie die Gattungen Manihot, Janipha, Jatropha, Ricinus z.B. die Gattungen und Arten *Manihot utilissima*, *Janipha manihot*, *Jatropha manihot*, *Manihot aipil*, *Manihot dulcis*, *Manihot manihot*, *Manihot melanobasis*, *Manihot esculenta* [Manihot] oder *Ricinus communis* [Rizinus], Fabaceae wie die Gattungen Pisum, Albizia, Cathormion, Feuillea, Inga, Pithecolobium, Acacia, Mimosa, Medicago, Glycine,
- 40 Dolichos, Phaseolus, Soja z.B. die Gattungen und Arten *Pisum sativum*, *Pisum arvense*, *Pisum humile* [Erbse], *Albizia berteriana*, *Albizia julibrissin*, *Albizia lebbeck*, *Acacia berteriana*, *Acacia littoralis*, *Albizia berteriana*, *Albizia berteriana*, *Cathormion berteriana*, *Feuillea berteriana*, *Inga fragrans*, *Pithecellobium berterianum*, *Pithecellobium fragrans*, *Pithecolobium berterianum*, *Pseudalbizia berteriana*, *Acacia julibrissin*,
- 45 *Acacia nemu*, *Albizia nemu*, *Feuillea julibrissin*, *Mimosa julibrissin*, *Mimosa speciosa*,

- Sericanrda julibrissin*, *Acacia lebbeck*, *Acacia macrophylla*, *Albizia lebbeck*, *Feuilleea lebbeck*, *Mimosa lebbeck*, *Mimosa speciosa* [Seidenbaum], *Medicago sativa*, *Medicago falcata*, *Medicago varia* [Alfalfa] *Glycine max* *Dolichos soja*, *Glycine gracilis*, *Glycine hispida*, *Phaseolus max*, *Soja hispida* oder *Soja max* [Sojabohne], Funariaceae wie die Gattungen *Aphanorrhagma*, *Entosthodon*, *Funaria*, *Physcomitrella*, *Physcomitrium* z.B. die Gattungen und Arten *Aphanorrhagma serratum*, *Entosthodon attenuatus*, *Entosthodon bolanderi*, *Entosthodon bonplandii*, *Entosthodon californicus*, *Entosthodon drummondii*, *Entosthodon jamesonii*, *Entosthodon leibergii*, *Entosthodon neoscoticus*, *Entosthodon rubrissetus*, *Entosthodon spathulifolius*, *Entosthodon tucsoni*, *Funaria americana*, *Funaria bolanderi*, *Funaria calcarea*, *Funaria californica*, *Funaria calvescens*, *Funaria convoluta*, *Funaria flavicans*, *Funaria groutiana*, *Funaria hygrometrica*, *Funaria hygrometrica* var. *arctica*, *Funaria hygrometrica* var. *calvescens*, *Funaria hygrometrica* var. *convoluta*, *Funaria hygrometrica* var. *muralis*, *Funaria hygrometrica* var. *utahensis*, *Funaria microstoma*, *Funaria microstoma* var. *obtusifolia*, *Funaria muhlenbergii*, *Funaria orcuttii*, *Funaria plano-convexa*, *Funaria polaris*, *Funaria ravenelii*, *Funaria rubrisseta*, *Funaria serrata*, *Funaria sonorae*, *Funaria sublimbatus*, *Funaria tucsoni*, *Physcomitrella californica*, *Physcomitrella patens*, *Physcomitrella readeri*, *Physcomitrium australe*, *Physcomitrium californicum*, *Physcomitrium collenchymatum*, *Physcomitrium coloradense*, *Physcomitrium cupuliferum*, *Physcomitrium drummondii*, *Physcomitrium eurytostomum*, *Physcomitrium flexifolium*, *Physcomitrium hookeri*, *Physcomitrium hookeri* var. *serratum*, *Physcomitrium immersum*, *Physcomitrium kellermanii*, *Physcomitrium megalocarpum*, *Physcomitrium pyriforme*, *Physcomitrium pyriforme* var. *serratum*, *Physcomitrium rufipes*, *Physcomitrium sandbergii*, *Physcomitrium subsphaericum*, *Physcomitrium washingtoniense*, Geraniaceae wie die Gattungen *Pelargonium*, *Cocos*, *Oleum* z.B. die Gattungen und Arten *Cocos nucifera*, *Pelargonium grossularioides* oder *Oleum cocois* [Kokusnuss], Gramineae wie die Gattung *Saccharum* z.B. die Gattung und Art *Saccharum officinarum*, Juglandaceae wie die Gattungen *Juglans*, *Wallia* z.B. die Gattungen und Arten *Juglans regia*, *Juglans ailanthifolia*, *Juglans sieboldiana*, *Juglans cinerea*, *Wallia cinerea*, *Juglans bixbyi*, *Juglans californica*, *Juglans hindsii*, *Juglans intermedia*, *Juglans jamaicensis*, *Juglans major*, *Juglans microcarpa*, *Juglans nigra* oder *Wallia nigra* [Walnuss], Lauraceae Wie die Gattungen *Persea*, *Laurus* z.B. die Gattungen und Arten *Laurus nobilis* [Lorbeer], *Persea americana*, *Persea gratissima* oder *Persea persea* [Avocado], Leguminosae wie die Gattung *Arachis* z.B. die Gattung und Art *Arachis hypogaea* [Erdnuss],
- 35 Linaceae wie die Gattungen *Linum*, *Adenolinum* z.B. die Gattungen und Arten *Linum usitatissimum*, *Linum humile*, *Linum austriacum*, *Linum bienne*, *Linum angustifolium*, *Linum catharticum*, *Linum flavum*, *Linum grandiflorum*, *Adenolinum grandiflorum*, *Linum lewisii*, *Linum narbonense*, *Linum perenne*, *Linum perenne* var. *lewisii*, *Linum pratense* oder *Linum trigynum* [Lein], Lythraeae wie die Gattung *Punica* z.B. die
- 40 Gattung und Art *Punica granatum* [Granatapfel], Malvaceae wie die Gattung *Gossypium* z.B. die Gattungen und Arten *Gossypium hirsutum*, *Gossypium arboreum*, *Gossypium barbadense*, *Gossypium herbaceum* oder *Gossypium thurberi* [Baumwolle], Marchantiaceae wie die Gattung *Marchantia* z.B. die Gattungen und Arten *Marchantia berteriana*, *Marchantia foliacea*, *Marchantia macropora*, Musaceae wie die Gattung
- 45 *Musa* z.B. die Gattungen und Arten *Musa nana*, *Musa acuminata*, *Musa paradisiaca*,

- Musa* spp. [Banane], Onagraceae wie die Gattungen *Camissonia*, *Oenothera* z.B. die Gattungen und Arten *Oenothera biennis* oder *Camissonia brevipes* [Nachtkerze], Palmae wie die Gattung *Elacis* z.B. die Gattung und Art *Elaeis guineensis* [Ölpalme], Papaveraceae wie die Gattung *Papaver* z.B. die Gattungen und Arten *Papaver orientale*, *Papaver rhoeas*, *Papaver dubium* [Mohn], Pedaliaceae wie die Gattung *Sesamum* z.B. die Gattung und Art *Sesamum indicum* [Sesam], Piperaceae wie die Gattungen *Piper*, *Artanthe*, *Peperomia*, *Steffensia* z.B. die Gattungen und Arten *Piper aduncum*, *Piper amalago*, *Piper angustifolium*, *Piper auritum*, *Piper betel*, *Piper cubeba*, *Piper longum*, *Piper nigrum*, *Piper retrofractum*, *Artanthe adunca*, *Artanthe elongata*, *Peperomia elongata*, *Piper elongatum*, *Steffensia elongata*. [Cayennepfeffer], Poaceae wie die Gattungen *Hordeum*, *Secale*, *Avena*, *Sorghum*, *Andropogon*, *Holcus*, *Panicum*, *Oryza*, *Zea* (Mais), *Triticum* z.B. die Gattungen und Arten *Hordeum vulgare*, *Hordeum jubatum*, *Hordeum murinum*, *Hordeum secalinum*, *Hordeum distichon*, *Hordeum aegiceras*, *Hordeum hexastichon*, *Hordeum hexastichum*, *Hordeum irregulare*, *Hordeum sativum*, *Hordeum secalinum* [Gerste], *Secale cereale* [Roggen], *Avena sativa*, *Avena fatua*, *Avena byzantina*, *Avena fatua* var. *sativa*, *Avena hybrida* [Hafer], *Sorghum bicolor*, *Sorghum halepense*, *Sorghum saccharatum*, *Sorghum vulgare*, *Andropogon drummondii*, *Holcus bicolor*, *Holcus sorghum*, *Sorghum aethiopicum*, *Sorghum arundinaceum*, *Sorghum caffrorum*, *Sorghum cernuum*, *Sorghum dochna*, *Sorghum drummondii*, *Sorghum durra*, *Sorghum guineense*, *Sorghum lanceolatum*, *Sorghum nervosum*, *Sorghum saccharatum*, *Sorghum subglabrescens*, *Sorghum verticilliflorum*, *Sorghum vulgare*, *Holcus halepensis*, *Sorghum miliaceum*, *Panicum militaceum* [Hirse], *Oryza sativa*, *Oryza latifolia* [Reis], *Zea mays* [Mais] *Triticum aestivum*, *Triticum durum*, *Triticum turgidum*, *Triticum hybernum*, *Triticum macha*, *Triticum sativum* oder *Triticum vulgare* [Weizen], Porphyridiaceae wie die Gattungen *Chrootheca*, *Flintiella*, *Petrovanella*, *Porphyridium*, *Rhodella*, *Rhodorus*, *Vanhoeffenia* z.B. die Gattung und Art *Porphyridium cruentum*, Proteaceae wie die Gattung *Macadamia* z.B. die Gattung und Art *Macadamia integrifolia* [Macadamia], Prasinophyceae wie die Gattungen *Nephroselmis*, *Prasinococcus*, *Scherffelia*, *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus* z.B. die Gattungen und Arten *Nephroselmis olivacea*, *Prasinococcus capsulatus*, *Scherffelia dubia*, *Tetraselmis chui*, *Tetraselmis suecica*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus tauri*, Rubiaceae wie die Gattung *Coffea* z.B. die Gattungen und Arten *Coffea* spp., *Coffea arabica*, *Coffea canephora* oder *Coffea liberica* [Kaffee], Scrophulariaceae wie die Gattung *Verbascum* z.B. die Gattungen und Arten *Verbascum blattaria*, *Verbascum chaixii*, *Verbascum densiflorum*, *Verbascum lagurus*, *Verbascum longifolium*, *Verbascum lychnitis*, *Verbascum nigrum*, *Verbascum olympicum*, *Verbascum phlomoides*, *Verbascum phoenicum*, *Verbascum pulverulentum* oder *Verbascum thapsus* [Königskerze], Solanaceae wie die Gattungen *Capsicum*, *Nicotiana*, *Solanum*, *Lycopersicon* z.B. die Gattungen und Arten *Capsicum annuum*, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*, *Capsicum frutescens* [Pfeffer], *Capsicum annuum* [Paprika], *Nicotiana tabacum*, *Nicotiana alata*, *Nicotiana attenuata*, *Nicotiana glauca*, *Nicotiana langsdorffii*, *Nicotiana obtusifolia*, *Nicotiana quadrivalvis*, *Nicotiana repanda*, *Nicotiana rustica*, *Nicotiana sylvestris* [Tabak], *Solanum tuberosum* [Kartoffel], *Solanum melongena* [Aubergine] *Lycopersicon esculentum*, *Lycopersicon lycopersicum*, *Lycopersicon pyriforme*, *Solanum integrifolium* oder *Solanum lycopersi-*

cum [Tomate], Sterculiaceae wie die Gattung *Theobroma* z.B. die Gattung und Art *Theobroma cacao* [Kakao] oder Theaceae wie die Gattung *Camellia* z.B. die Gattung und Art *Camellia sinensis* [Tee].

Vorteilhafte Mikroorganismen sind beispielweise Pilze ausgewählt aus der Gruppe der Familien Chaetomiaceae, Choanephoraceae, Cryptococcaceae, Cunninghamellaceae, Dematiaceae, Moniliaceae, Mortierellaceae, Mucoraceae, Pythiaceae, Saccharomycetaceae, Saprolegniaceae, Schizosaccharomycetaceae, Sodariaceae oder Tuberculariaceae.

- Beispielhaft seien die folgenden Mikroorganismen genannt ausgewählt aus der Gruppe: Choanephoraceae wie den Gattungen *Blakeslea*, *Choanephora* z.B. die Gattungen und Arten *Blakeslea trispora*, *Choanephora cucurbitarum*, *Choanephora infundibulifera* var. *cucurbitarum*, Mortierellaceae wie der Gattung *Mortierella* z.B. die Gattungen und Arten *Mortierella isabellina*, *Mortierella polycephala*, *Mortierella ramanniana*, *Mortierella vinacea*, *Mortierella zonata*, Pythiaceae wie den Gattungen
- 10 *Phytium*, *Phytophthora* z.B. die Gattungen und Arten *Pythium debaryanum*, *Pythium intermedium*, *Pythium irregulare*, *Pythium megalacanthum*, *Pythium paroecandrum*, *Pythium sylvaticum*, *Pythium ultimum*, *Phytophthora cactorum*, *Phytophthora cinnamomi*, *Phytophthora citricola*, *Phytophthora citrophthora*, *Phytophthora cryptogea*, *Phytophthora drechsleri*, *Phytophthora erythroseptica*, *Phytophthora lateralis*, *Phytophthora*
- 15 *megasperma*, *Phytophthora nicotianae*, *Phytophthora nicotianae* var. *parasitica*, *Phytophthora palmivora*, *Phytophthora parasitica*, *Phytophthora syringae*, Saccharomycetaceae wie den Gattungen *Hansenula*, *Pichia*, *Saccharomyces*, *Saccharomycodes*, *Yarrowia* z.B. die Gattungen und Arten *Hansenula anomala*, *Hansenula californica*, *Hansenula canadensis*, *Hansenula capsulata*, *Hansenula*
- 20 *ciferrii*, *Hansenula glucozyma*, *Hansenula henricii*, *Hansenula holstii*, *Hansenula minuta*, *Hansenula nonfermentans*, *Hansenula philodendri*, *Hansenula polymorpha*, *Hansenula saturnus*, *Hansenula subpelliculosa*, *Hansenula wickerhamii*, *Hansenula wingei*, *Pichia alcoholophila*, *Pichia angusta*, *Pichia anomala*, *Pichia bisporea*, *Pichia burtonii*, *Pichia canadensis*, *Pichia capsulata*, *Pichia carsonii*, *Pichia cellobiosa*, *Pichia*
- 25 *ciferrii*, *Pichia farinosa*, *Pichia fermentans*, *Pichia finlandica*, *Pichia glucozyma*, *Pichia guilliermondii*, *Pichia haplophila*, *Pichia henricii*, *Pichia holstii*, *Pichia jadinii*, *Pichia lindnerii*, *Pichia membranaefaciens*, *Pichia methanolica*, *Pichia minuta* var. *minuta*, *Pichia minuta* var. *nonfermentans*, *Pichia norvegensis*, *Pichia ohmeri*, *Pichia pastoris*, *Pichia philodendri*, *Pichia pini*, *Pichia polymorpha*, *Pichia quercuum*, *Pichia rhodanensis*, *Pichia sargentensis*, *Pichia stipitis*, *Pichia strasburgensis*, *Pichia subpelliculosa*, *Pichia toletana*, *Pichia trehalophila*, *Pichia vini*, *Pichia xylosa*, *Saccharomyces acetii*, *Saccharomyces baillii*, *Saccharomyces bayanus*, *Saccharomyces bisporus*, *Saccharomyces capensis*, *Saccharomyces carlsbergensis*, *Saccharomyces cerevisiae*, *Saccharomyces cerevisiae* var. *ellipsoideus*, *Saccharomyces chevalieri*, *Saccharomyces*
- 30 *delbrueckii*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces drosophilae*, *Saccharomyces elegans*, *Saccharomyces ellipsoideus*, *Saccharomyces fermentati*, *Saccharomyces florentinus*, *Saccharomyces fragilis*, *Saccharomyces heterogenicus*, *Saccharomyces hienipiensis*, *Saccharomyces inusitatus*, *Saccharomyces italicus*, *Saccharomyces*
- 35 *delbrueckii*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces drosophilae*, *Saccharomyces elegans*, *Saccharomyces ellipsoideus*, *Saccharomyces fermentati*, *Saccharomyces florentinus*, *Saccharomyces fragilis*, *Saccharomyces heterogenicus*, *Saccharomyces hienipiensis*, *Saccharomyces inusitatus*, *Saccharomyces italicus*, *Saccharomyces*
- 40 *delbrueckii*, *Saccharomyces diastaticus*, *Saccharomyces drosophilae*, *Saccharomyces elegans*, *Saccharomyces ellipsoideus*, *Saccharomyces fermentati*, *Saccharomyces florentinus*, *Saccharomyces fragilis*, *Saccharomyces heterogenicus*, *Saccharomyces hienipiensis*, *Saccharomyces inusitatus*, *Saccharomyces italicus*, *Saccharomyces*

- kluyveri*, *Saccharomyces krusei*, *Saccharomyces lactis*, *Saccharomyces marxianus*, *Saccharomyces microellipsoides*, *Saccharomyces montanus*, *Saccharomyces norbensis*, *Saccharomyces oleaceus*, *Saccharomyces paradoxus*, *Saccharomyces pastorianus*, *Saccharomyces pretoriensis*, *Saccharomyces rosei*, *Saccharomyces rouxii*, *Saccharomyces uvarum*, *Saccharomycodes ludwigii*, *Yarrowia lipolytica*, Schizosaccharomycetaceae such as the genera *Schizosaccharomyces* e.g. the species *Schizosaccharomyces japonicus* var. *japonicus*, *Schizosaccharomyces japonicus* var. *versatilis*, *Schizosaccharomyces malidevorans*, *Schizosaccharomyces octosporus*, *Schizosaccharomyces pombe* var. *malidevorans*, *Schizosaccharomyces pombe* var. *pombe*, Thraustochytriaceae such as the genera *Althornia*, *Aplanochytrium*, *Japono-*
 chytrium, *Schizochytrium*, *Thraustochytrium* e.g. the species *Schizochytrium aggrega-*
 tum, *Schizochytrium limacinum*, *Schizochytrium mangrovei*, *Schizochytrium minutum*,
 10 *Schizochytrium octosporum*, *Thraustochytrium aggregatum*, *Thraustochytrium amoeb-*
oideum, *Thraustochytrium antacticum*, *Thraustochytrium arudimentale*, *Thrausto-*
 chytrium *aureum*, *Thraustochytrium benthicola*, *Thraustochytrium globosum*, *Thrausto-*
 15 *chytrium indicum*, *Thraustochytrium kerguelense*, *Thraustochytrium kinnei*, *Thrausto-*
chytrium motivum, *Thraustochytrium multirudimentale*, *Thraustochytrium pachyder-*
mum, *Thraustochytrium proliferum*, *Thraustochytrium roseum*, *Thraustochytrium rossii*,
Thraustochytrium striatum oder *Thraustochytrium visurgense*.

- 20 Weitere vorteilhafte Mikroorganismen sind beispielweise Bakterien ausgewählt aus der Gruppe der Familien Bacillaceae, Enterobacteriaceae oder Rhizobiaceae.

- Beispielhaft seien die folgenden Mikroorganismen genannt ausgewählt aus der Gruppe: Bacillaceae wie die Gattung *Bacillus* z.B. die Gattungen und Arten *Bacillus acidocaldarius*, *Bacillus acidoterrestris*, *Bacillus alcalophilus*, *Bacillus amyloliquefa-*
 25 *ciens*, *Bacillus amylolyticus*, *Bacillus brevis*, *Bacillus cereus*, *Bacillus circulans*, *Bacillus coagulans*, *Bacillus sphaericus* subsp. *fusiformis*, *Bacillus galactophilus*, *Bacillus globisporus*, *Bacillus globisporus* subsp. *marinus*, *Bacillus halophilus*, *Bacillus lenti-*
morus, *Bacillus lentus*, *Bacillus licheniformis*, *Bacillus megaterium*, *Bacillus polymyxa*,
Bacillus psychrosaccharolyticus, *Bacillus pumilus*, *Bacillus sphaericus*, *Bacillus subtilis*
 30 *subsp. spizizenii*, *Bacillus subtilis* subsp. *subtilis* oder *Bacillus thuringiensis*; Enterobacteriaceae wie die Gattungen *Citrobacter*, *Edwardsiella*, *Enterobacter*, *Erwinia*,
Escherichia, *Klebsiella*, *Salmonella* oder *Serratia* z.B. die Gattungen und Arten *Citro-*
bacter amalonaticus, *Citrobacter diversus*, *Citrobacter freundii*, *Citrobacter geno-*
mospecies, *Citrobacter gillenii*, *Citrobacter intermedium*, *Citrobacter koseri*, *Citrobacter*
 35 *murlinae*, *Citrobacter* sp., *Edwardsiella hoshinae*, *Edwardsiella ictaluri*, *Edwardsiella tarda*, *Erwinia alni*, *Erwinia amylovora*, *Erwinia ananatis*, *Erwinia aphidicola*, *Erwinia billingiae*, *Erwinia cacticida*, *Erwinia cancerogena*, *Erwinia carnegieana*, *Erwinia carotovora* subsp. *atroseptica*, *Erwinia carotovora* subsp. *betavascularum*, *Erwinia carotovora* subsp. *odorifera*, *Erwinia carotovora* subsp. *wasabiae*, *Erwinia chrysanthemi*,
 40 *Erwinia cypripedii*, *Erwinia dissolvens*, *Erwinia herbicola*, *Erwinia mallotivora*, *Erwinia milletiae*, *Erwinia nigrifluens*, *Erwinia nimipressuralis*, *Erwinia persicina*, *Erwinia psidii*, *Erwinia pyrifoliae*, *Erwinia quercina*, *Erwinia rhapontici*, *Erwinia rubrifaciens*, *Erwinia salicis*, *Erwinia stewartii*, *Erwinia tracheiphila*, *Erwinia uredovora*, *Escherichia*

- adecarboxylata*, *Escherichia anindolica*, *Escherichia aurescens*, *Escherichia blattae*,
Escherichia coli, *Escherichia coli* var. *communior*, *Escherichia coli-mutabile*, *Escheri-*
chia fergusonii, *Escherichia hermannii*, *Escherichia sp.*, *Escherichia vulneris*, *Klebsiella*
aerogenes, *Klebsiella edwardsii* subsp. *atlantae*, *Klebsiella ornithinolytica*, *Klebsiella*
5 *oxytoca*, *Klebsiella planticola*, *Klebsiella pneumoniae*, *Klebsiella pneumoniae* subsp.
pneumoniae, *Klebsiella sp.*, *Klebsiella terrigena*, *Klebsiella trevisanii*, *Salmonella*
abony, *Salmonella arizonae*, *Salmonella bongori*, *Salmonella choleraesuis* subsp.
arizonae, *Salmonella choleraesuis* subsp. *bongori*, *Salmonella choleraesuis* subsp.
choleraesuis, *Salmonella choleraesuis* subsp. *diarizonae*, *Salmonella choleraesuis*
10 subsp. *houtenae*, *Salmonella choleraesuis* subsp. *indica*, *Salmonella choleraesuis*
subsp. *salamae*, *Salmonella daressalaam*, *Salmonella enterica* subsp. *houtenae*,
Salmonella enterica subsp. *salamae*, *Salmonella enteritidis*, *Salmonella gallinarum*,
Salmonella heidelberg, *Salmonella panama*, *Salmonella senftenberg*, *Salmonella*
typhimurium, *Serratia entomophila*, *Serratia ficaria*, *Serratia fonticola*, *Serratia grimesii*,
15 *Serratia liquefaciens*, *Serratia marcescens*, *Serratia marcescens* subsp. *marcescens*,
Serratia marinorubra, *Serratia odorifera*, *Serratia plymouthisensis*, *Serratia plymuthica*,
Serratia proteamaculans, *Serratia proteamaculans* subsp. *quinovora*, *Serratia quinivo-*
rans oder *Serratia rubidaea*; Rhizobiaceae wie die Gattungen *Agrobacterium*, *Car-*
bophilus, *Chelatobacter*, *Ensifer*, *Rhizobium*, *Sinorhizobium* z.B. die Gattungen und
20 Arten *Agrobacterium atlanticum*, *Agrobacterium ferrugineum*, *Agrobacterium gelatino-*
vorum, *Agrobacterium larrymoorei*, *Agrobacterium meteori*, *Agrobacterium radiobacter*,
Agrobacterium rhizogenes, *Agrobacterium rubi*, *Agrobacterium stellulatum*, *Agrobacte-*
rium tumefaciens, *Agrobacterium vitis*, *Carbophilus carboxidus*, *Chelatobacter heintzii*,
Ensifer adhaerens, *Ensifer arboris*, *Ensifer fredii*, *Ensifer kostiensis*, *Ensifer kummero-*
25 *wiae*, *Ensifer medicae*, *Ensifer meliloti*, *Ensifer saheli*, *Ensifer teranga*, *Ensifer*
xinjiangensis, *Rhizobium ciceri*, *Rhizobium etli*, *Rhizobium fredii*, *Rhizobium galegae*,
Rhizobium gallicum, *Rhizobium giardinii*, *Rhizobium hainanense*, *Rhizobium huakuii*,
Rhizobium huautlense, *Rhizobium indigoferae*, *Rhizobium japonicum*, *Rhizobium*
leguminosarum, *Rhizobium loessense*, *Rhizobium loti*, *Rhizobium lupini*, *Rhizobium*
30 *mediterraneum*, *Rhizobium meliloti*, *Rhizobium mongolense*, *Rhizobium phaseoli*,
Rhizobium radiobacter, *Rhizobium rhizogenes*, *Rhizobium rubi*, *Rhizobium sullae*,
Rhizobium tianshanense, *Rhizobium trifolii*, *Rhizobium tropici*, *Rhizobium undicola*,
Rhizobium vitis, *Sinorhizobium adhaerens*, *Sinorhizobium arboris*, *Sinorhizobium fredii*,
Sinorhizobium kostiense, *Sinorhizobium kummerowiae*, *Sinorhizobium medicae*,
35 *Sinorhizobium meliloti*, *Sinorhizobium morelense*, *Sinorhizobium saheli* oder *Sinorhizo-*
bium xinjiangense.

Weitere vorteilhafte Mikroorganismen für das erfindungsgemäße Verfahren sind
 beispielweise Protisten oder Diatomeen ausgewählt aus der Gruppe der Familien
 Dinophyceae, Turaniellidae oder Oxytrichidae wie die Gattungen und Arten: *Crypthe-*
 40 *codinium cohnii*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Stylonychia mytilus*, *Stylonychia pustula-*
ta, *Stylonychia putrina*, *Stylonychia notophora*, *Stylonychia sp.*, *Colpidium campylum*
 oder *Colpidium sp.*

- Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren transgene Organismen wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Moose wie *Physcomitrella* oder *Ceratodon*, nicht-humane Tiere wie *Caenorhabditis*, Algen wie *Nephroselmis*, *Pseudoscurfielda*, *Prasinococcus*,
 5 *Scherffelia*, *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Cryptocodinium* oder *Phaeodactylum* oder Pflanzen wie zweikeimblättrige oder einkeimblättrige Pflanzen verwendet. Besonders vorteilhaft werden Organismen im erfindungsgemäßen Verfahren verwendet, die zu den Öl-produzierenden Organismen gehören, das heißt die für die Herstellung von Ölen verwendet werden, wie Pilze wie *Mortierella* oder *Traustochytrium*, Algen wie *Nephroselmis*, *Pseudoscurfielda*, *Prasinococcus*, *Scherffelia*,
 10 *Tetraselmis*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Cryptocodinium*, *Phaeodactylum* oder Pflanzen, insbesondere Pflanzen bevorzugt Ölfruchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Saflor (*Carthamus tinctoria*), Mohn, Senf, Hanf, Rizinus, Olive, Sesam, Calendula, Punica, Nachtkerze, Königskerze, Distel, Wildrosen, Haselnuss, Mandel, Macadamia, Avocado, Lorbeer, Kürbis, Lein, Soja, Pistazien, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss oder Walnuss) oder Feldfrüchte, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa oder Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee),
 20 *Salix*-Arten sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfruchtpflanzen, wie Erdnuss, Raps, Canola, Sonnenblume, Saflor, Mohn, Senf, Hanf, Rizinus, Olive, Calendula, Punica, Nachtkerze, Kürbis, Lein, Soja, Borretsch, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss). Besonders bevorzugt sind C18:2- und/oder C18:3-Fettsäure reiche Pflanzen wie Sonnenblume, Färberdistel, Tabak, Königskerze, Sesam, Baumwolle, Kürbis, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein, Hanf, Distel oder Färberdistel. Ganz besonders bevorzugt sind Pflanzen wie Färberdistel, Sonnenblume, Mohn, Nachtkerze, Walnuss, Lein oder Hanf.

- Für das erfindungsgemäße beschriebene Verfahren ist es vorteilhaft in den Organismus zusätzlich zu den unter Verfahrensschritt (a) bis (d) eingebrachten Nukleinsäuren
 30 sowie den ggf. eingebrachten Nukleinsäuresequenzen, die für die ω -3-Desaturasen codieren, zusätzlich weitere Nukleinsäuren einzubringen, die für Enzyme des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren.

- Im Prinzip können alle Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels vorteilhaft in Kombination mit der(den) erfinderischen Δ -5-Elongase(n), Δ -6-Elongase(n) und/oder
 35 ω -3-Desaturase(n) [im Sinne dieser Anmeldung soll der Plural den Singular und umgekehrt beinhalten] im Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren verwendet werden vorteilhaft werden Gene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP [= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n),
 40 Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) in

Kombination mit der Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder ω -3-Desaturase verwendet. Besonders bevorzugt werden Gene ausgewählt aus der Gruppe der Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -9-Desaturasen, Δ -12-Desaturasen, Δ -6-Elongasen oder Δ -9-Elongasen in Kombination mit den vorgenannten Genen für die Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder ω -3-Desaturase verwendet, wobei einzelne Gene oder mehrere Gene in Kombination verwendet werden können.

Die erfindungsgemäßen Δ -5-Elongasen haben gegenüber den humanen Elongasen oder Elongasen aus nicht-humanen Tieren wie denen aus *Oncorhynchus*, *Xenopus* oder *Ciona* die vorteilhafte Eigenschaft, dass sie C_{22} -Fettsäuren nicht zu den entsprechenden C_{24} -Fettsäuren elongieren. Weiterhin setzen sie vorteilhaft keine Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ -6-Position um, wie sie von den humanen Elongasen oder den Elongasen aus nicht-humanen Tieren umgesetzt werden. Besonders vorteilhafte Δ -5-Elongasen setzen bevorzugt nur ungesättigte C_{20} -Fettsäuren um. Diese vorteilhaften Δ -5-Elongasen weisen einige putative Transmembran-Helices (5 – 7) auf. Vorteilhaft werden nur C_{20} -Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ -5-Position umgesetzt, wobei ω -3- C_{20} Fettsäuren bevorzugt werden (EPA). Weiterhin haben sie in einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung die Eigenschaft, dass sie neben der Δ -5-Elongaseaktivität vorteilhaft keine oder nur eine relativ geringe Δ -6-Elongaseaktivität aufweisen. Im Gegensatz dazu weisen die humanen Elongasen oder nicht-humanen Tier-Elongasen eine annähernd gleiche Aktivität gegenüber Fettsäuren mit einer Δ -6- oder Δ -5-Doppelbindung auf. Diese vorteilhaften Elongasen werden als sogenannte monofunktionelle Elongasen bezeichnet. Die humanen Elongasen oder die nicht-humanen Tierelongasen werden dem gegenüber als multifunktionelle Elongasen bezeichnet, die neben den vorgenannten Substraten auch monounsättigte C_{16} - und C_{18} -Fettsäuren beispielsweise mit Δ -9- oder Δ -11-Doppelbindung umsetzen. Vorteilhaft setzen die monofunktionellen Elongasen in einem Hefefütterungstext, in dem als Substrat EPA den Hefen zugesetzt wurde, mindestens 15 Gew.-% des zugesetzten EPAs zu Docosapentaensäure (DPA, $C_{22}:5^{\Delta 7,10,13,16,19}$), vorteilhaft mindestens 20 Gew.-%, besonders vorteilhaft mindestens 25 Gew.-% um. Wird als Substrat γ -Linolensäure (= GLA, $C_{18}:3^{\Delta 6,9,12}$) gegeben, so wird diese vorteilhaft gar nicht elongiert. Ebenfalls wird auch $C_{18}:3^{\Delta 5,9,12}$ nicht elongiert. In einer anderen vorteilhaften Ausführungsform werden weniger als 60 Gew.-% des zugesetzten GLA zu Dihomo- γ -linolensäure (= $C_{20}:3^{\Delta 8,11,14}$) umgesetzt, vorteilhaft weniger als 55 Gew.-%, bevorzugt weniger als 50 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 45 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 40 Gew.-%. In einer weiteren ganz bevorzugten Ausführungsform der erfindungsgemäßen Δ -5-Elongaseaktivität wird GLA nicht umgesetzt.

Die Figuren 27 und 28 geben die gemessenen Substratspezifitäten der verschiedenen Elongasen wieder. In Figur 27 sind die Spezifitäten der multifunktionellen Elongasen von *Xenopus laevis* (Fig. 27 A), *Ciona intestinalis* (Fig. 27 B) und *Oncorhynchus mykiss* (Fig. 27 C) wiedergegeben. Alle diese Elongasen setzen ein breites Spektrum an Substraten um. Dies kann im erfindungsgemäßen Verfahren zu Nebenprodukten führen, die durch weitere enzymatische Aktivitäten umgesetzt werden müssen. Diese Enzyme sind deshalb im erfindungsgemäßen Verfahren weniger bevorzugt. Die

bevorzugten monofunktionellen Elongasen und ihre Substratspezifität werden in Figur 28 wiedergegeben. Figur 28 A zeigt die Spezifität der *Ostreococcus tauri* Δ -5-Elongase. Dies setzt nur Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ -5-Position um.

- Vorteilhaft werden nur C20-Fettsäuren umgesetzt. Eine ähnlich hohe Substratspezifität weist die Δ -5-Elongase von *Thalassiosira pseudonana* (Fig. 28. C) auf. Sowohl die Δ -6-Elongase von *Ostreococcus tauri* (Fig. 28 B) als auch die von *Thalassiosira pseudonana* (Fig. 28 D) setzen vorteilhaft nur Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ -6-Position um. Vorteilhaft werden nur C18-Fettsäuren umgesetzt. Auch die Δ -5-Elongasen aus *Arabidopsis thaliana* und *Euglena gracilis* zeichnen sich durch ihre Spezifität aus.
- 10 Vorteilhafte erfindungsgemäße Δ -6-Elongasen zeichnen sich ebenfalls durch eine hohe Spezifität aus, das heißt bevorzugt werden C₁₈-Fettsäuren elongiert. Vorteilhaft setzen sie Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ -6-Position um. Besonders vorteilhafte Δ -6-Elongasen setzen vorteilhaft C₁₈-Fettsäuren mit drei oder vier Doppelbindungen im Molekül um, wobei diese eine Doppelbindung in Δ -6-Position enthalten müssen.
- 15 Weiterhin haben sie in einer bevorzugten Ausführungsform der Erfindung die Eigenschaft, dass sie neben der Δ -6-Elongaseaktivität vorteilhaft keine oder nur eine relativ geringe Δ -5-Elongaseaktivität aufweisen. Im Gegensatz dazu weisen die humanen Elongasen oder nicht-humanen Tier-Elongasen eine annähernd gleiche Aktivität gegenüber Fettsäuren mit einer Δ -6- oder Δ -5-Doppelbindung auf. Diese vorteilhaften
- 20 Elongasen werden als sogenannte monofunktionelle Elongasen bezeichnet. Die humanen Elongasen oder die nicht-humanen Tierelongasen werden, wie oben beschrieben, dem gegenüber als multifunktionelle Elongasen bezeichnet, die neben den vorgenannten Substraten auch monoungesättigte C₁₆- und C₁₈-Fettsäuren beispielsweise mit Δ -9- oder Δ -11-Doppelbindung umsetzen. Vorteilhaft setzen die
- 25 monofunktionellen Elongasen in einem Hefefütterungstext, in dem als Substrat EPA den Hefen zugesetzt wurde, mindestens 10 Gew.-% der zugesetzten α -Linolensäure (= ALA, C18:3 ^{Δ 9,12,15}) bzw. mindestens 40 Gew.-% der zugesetzten γ -Linolensäure (= GLA, C18:3 ^{Δ 6,9,12}), vorteilhaft mindestens 20 Gew.-% bzw. 50 Gew.-%, besonders vorteilhaft mindestens 25 Gew.-% bzw. 60 Gew.-% um. Besonders vorteilhaft wird
- 30 auch C18:4 ^{Δ 6,9,12,15} (Stearidonsäure) elongiert. SDA wird dabei zu mindestens 40 Gew.-%, vorteilhaft zu mindestens 50 Gew.-%, besonders vorteilhaft zu mindestens 60 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft zu mindestens 70 Gew.-% umgesetzt. Besonders vorteilhafte Δ -6-Elongasen zeigen keine oder nur eine sehr geringe Aktivität (weniger als 0,1 Gew.-% Umsatz) gegenüber den folgenden Substraten: C18:1 ^{Δ 6}, C18:1 ^{Δ 9},
- 35 C18:1 ^{Δ 11}, C20:2 ^{Δ 11,14}, C20:3 ^{Δ 11,14,17}, C20:3 ^{Δ 8,11,14}, C20:4 ^{Δ 5,8,11,14}, C20:5 ^{Δ 5,8,11,14,17} oder C22:4 ^{Δ 7,10,13,16}.

Die Figuren 29 und 30 sowie die Tabelle 18 geben die gemessenen Substratspezifitäten der verschiedenen Elongasen wieder.

- Die erfindungsgemäße ω -3-Desaturase hat gegenüber den bekannten ω -3-Desaturase
- 40 die vorteilhafte Eigenschaft, dass sie ein breites Spektrum an ω -6-Fettsäuren desaturieren kann, bevorzugt werden C₂₀- und C₂₂-Fettsäuren wie C_{20:2}-, C_{20:3}-, C_{20:4}-, C_{22:4}- oder C_{22:5}-Fettsäuren desaturiert. Aber auch die kürzeren C₁₈-Fettsäuren wie C_{18:2}-

- oder C_{18:3}-Fettsäuren werden vorteilhaft desaturiert. Durch diese Eigenschaften der ω -3-Desaturase ist es vorteilhaft möglich das Fettsäurespektrum innerhalb eines Organismus vorteilhaft innerhalb einer Pflanze oder einem Pilz von den ω -6-Fettsäuren zu den ω -3-Fettsäuren hin zu verschieben. Bevorzugt werden von der erfindungsgemäßen ω -3-Desaturase C₂₀-Fettsäuren desaturiert. Innerhalb des Organismus werden diese Fettsäuren aus dem vorhandenen Fettsäurepool zu mindestens 10%, 15%, 20%, 25% oder 30% zu den entsprechenden ω -3-Fettsäuren umgesetzt. Gegenüber den C₁₈-Fettsäuren weist die ω -3-Desaturase eine um den Faktor 10 geringere Aktivität auf, das heißt es werden nur ca. 1,5 bis 3% der im Fettsäurepool vorhandenen Fettsäuren zu den entsprechenden ω -3-Fettsäuren umgesetzt. Bevorzugtes Substrat der erfindungsgemäßen ω -3-Desaturase sind die in Phospholipiden gebundenen ω -6-Fettsäuren. Figur 19 zeigt deutlich am Beispiel der Desaturierung von Dihomo- γ -linolensäure [C_{20:4} ^{Δ 8,11,14}], dass die ω -3-Desaturase bei der Desaturierung vorteilhaft nicht zwischen an sn1- oder sn2-Position gebundenen Fettsäuren unterscheidet.
- Sowohl an sn1- oder sn2-Position in den Phospholipide gebundene Fettsäuren werden desaturiert. Weiterhin ist vorteilhaft, dass die ω -3-Desaturase eine breite Palette von Phospholipiden wie Phosphatidylcholin (= PC), Phosphatidylinositol (= PIS) oder Phosphatidylethanolamin (= PE) umsetzt. Schließlich lassen sich auch Desaturierungsprodukte in den Neutrallipiden (= NL), das heißt in den Triglyceriden finden.
- Die erfindungsgemäßen Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen und Δ -6-Desaturasen haben gegenüber den bekannten Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen und Δ -6-Desaturasen den Vorteil, dass sie Fettsäuren gebunden an Phospholipide oder CoA-Fettsäureester, vorteilhaft CoA-Fettsäureester umsetzen können.
- Vorteilhaft setzen die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Δ -12-Desaturasen Ölsäure (C18:1 ^{Δ 9}) zu Linolsäure (C18:2 ^{Δ 9,12}) oder C18:2 ^{Δ 6,9} zu C18:3 ^{Δ 6,9,12} (= GLA) um. Vorteilhaft setzen die verwendeten Δ -12-Desaturasen Fettsäuren gebunden an Phospholipide oder CoA-Fettsäureester, vorteilhaft gebunden an CoA-Fettsäureester um.
- Durch die enzymatische Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- und/oder ω -3-Desaturaseaktivität codieren, vorteilhaft in Kombination mit Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie weiteren Polypeptiden mit Δ -4-, Δ -5-, Δ -6-, Δ -8-, Δ -12-Desaturase- oder Δ -5-, Δ -6- oder Δ -9-Elongaseaktivität codieren, können unterschiedlichste mehrfach ungesättigte Fettsäuren im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellt werden. Je nach Auswahl der für das erfindungsgemäße Verfahren verwendeten Organismen wie den vorteilhaften Pflanzen lassen sich Mischungen der verschiedenen mehrfach ungesättigten Fettsäuren oder einzelne mehrfach ungesättigte Fettsäuren wie EPA oder ARA in freier oder gebundener Form herstellen. Je nachdem welche Fettsäurezusammensetzung in der Ausgangspflanze vorherrscht (C18:2- oder C18:3-Fettsäuren) entstehen so Fettsäuren, die sich von C18:2-Fettsäuren ableiten, wie GLA, DGLA oder ARA oder, die sich von C18:3-Fettsäuren ableiten, wie SDA, ETA oder EPA. Liegt in der für das Verfahren

verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur Linolsäure (= LA, C18:2^{Δ9,12}) vor, so können als Produkte des Verfahrens nur GLA, DGLA und ARA entstehen, die als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Ist in der im Verfahren verwendeten Pflanze als ungesättigte Fettsäure nur α-Linolensäure (= ALA, C18:3^{Δ9,12,15}) beispielsweise wie in Lein, so können als Produkte des Verfahrens nur SDA, ETA, EPA und/oder DHA entstehen, die wie oben beschrieben als freie Fettsäuren oder gebunden vorliegen können. Durch Modifikation der Aktivität des an der Synthese beteiligten Enzyms Δ-5-Elongase vorteilhaft in Kombination mit der Δ-4-, Δ-5-, Δ-6-, Δ-12-Desaturase und/oder Δ-6-Elongase, oder der Δ-4-, Δ-5-, Δ-8-, Δ-12-Desaturase, und/oder Δ-9-Elongase lassen sich gezielt in den vorgenannten Organismen vorteilhaft in den vorgenannten Pflanzen nur einzelne Produkte herstellen. Durch die Aktivität der Δ-6-Desaturase und Δ-6-Elongase entstehen beispielsweise GLA und DGLA bzw. SDA und ETA, je nach Ausgangspflanze und ungesättigter Fettsäure. Bevorzugt entstehen DGLA bzw. ETA oder deren Mischungen. Werden die Δ-5-Desaturase, die Δ-5-Elongase und die Δ-4-Desaturase zusätzlich in die Organismen vorteilhaft in die Pflanze eingebracht, so entstehen zusätzlich ARA, EPA und/oder DHA. Dies gilt auch für Organismen in die vorher die Δ-8-Desaturase und Δ-9-Elongase eingebracht wurde. Vorteilhaft werden nur ARA, EPA oder DHA oder deren Mischungen synthetisiert, abhängig von der in im Organismus bzw. in der Pflanze vorliegenden Fettsäure, die als Ausgangssubstanz für die Synthese dient. Da es sich um Biosyntheseketten handelt, liegen die jeweiligen Endprodukte nicht als Reinsubstanzen in den Organismen vor. Es sind immer auch geringe Mengen der Vorläuferverbindungen im Endprodukt enthalten. Diese geringen Mengen betragen weniger als 20 Gew.-%, vorteilhaft weniger als 15 Gew.-%, besonders vorteilhaft weniger als 10 Gew.-%, ganz besonders vorteilhaft weniger als 5, 4, 3, 2 oder 1 Gew.-% bezogen auf das Endprodukt DGLA, ETA oder deren Mischungen bzw. ARA, EPA, DHA oder deren Mischungen vorteilhaft EPA oder DHA oder deren Mischungen.

Das von der erfindungsgemäßen Nukleinsäure kodierte Protein zeigt eine hohe Spezifität für die beiden Vorstufen C18:4^{Δ6,9,12,15}- und C20:5^{Δ5,8,11,14,17}-Fettsäuren zur Synthese von DHA (Vorstufen und Synthese von DHA siehe Figur 1). Das von SEQ NO: 53 kodierte Protein hat damit eine Spezifität für Δ6- und Δ5-Fettsäuren mit zusätzlich einer ω3-Doppelbindung (Figur 2). Die Δ-5-Elongase hat eine keto-Acyl-CoA-Synthase-Aktivität, die vorteilhaft Fettsäurereste von Acyl-CoA-Estern um 2 Kohlenstoffatome verlängert.

Mittels der Δ-5-Elongase-Gene, der Δ5-Desaturase aus *Phaeodacylum* sowie der Δ4-Desaturase aus *Euglena* konnte die Synthese von DHA in Hefe (*Saccharomyces cerevisiae*) nachgewiesen werden (Figur 3).

Neben der Produktion der Ausgangsfettsäuren für die erfindungsgemäße Δ-5-Elongase, Δ-6-Elongase und/oder ω-3-Desaturase direkt im Organismus können die Fettsäuren auch von außen gefüttert werden. Aus Kostengründen ist die Produktion im Organismus bevorzugt. Bevorzugt Substrate der ω-3-Desaturase sind die Linolsäure (C18:2^{Δ9,12}), die γ-Linolensäure (C18:3^{Δ6,9,12}), die Eicosadiensäure (C20:2^{Δ11,14}), die

Dihomo- γ -linolensäure (C20:3 ^{Δ 8,11,14}), die Arachidonsäure (C20:4 ^{Δ 5,8,11,14}), die Docosatetraensäure (C22:4 ^{Δ 7,10,13,16}) und die Docosapentaensäure (C22:5 ^{Δ 4,7,10,13,15}).

Zur Steigerung der Ausbeute im beschriebenen Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triglyceriden mit einem vorteilhaft erhöhten Gehalt an mehrfach ungesättigten Fettsäuren ist es vorteilhaft die Menge an Ausgangsprodukt für die Fettsäuresynthese zu steigern, dies kann beispielsweise durch das Einbringen einer Nukleinsäure in den Organismus, die für ein Polypeptid mit Δ -12-Desaturase codiert, erreicht werden. Dies ist besonders vorteilhaft in Öl-produzierenden Organismen wie der Familie der Brassicaceae wie der Gattung Brassica z.B. Raps; der Familie der Elaeagnaceae wie der Gattung Elaeagnus z.B. die Gattung und Art *Olea europaea* oder der Familie Fabaceae wie der Gattung Glycine z.B. die Gattung und Art *Glycine max*, die einen hohen Ölsäuregehalt aufweisen. Da diese Organismen nur einen geringen Gehalt an Linolsäure aufweisen (Mikoklajczak et al., Journal of the American Oil Chemical Society, 38, 1961, 678 - 681) ist die Verwendung der genannten Δ -12-Desaturasen zur Herstellung des Ausgangsprodukts Linolsäure vorteilhaft.

Im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren stammen vorteilhaft aus Pflanzen wie Algen beispielsweise Algen der Familie der Prasinophyceae wie aus den Gattungen Heteromastix, Mammella, Mantoniella, Micromonas, Nephroselmis, Ostreococcus, Prasinocladus, Prasinococcus, Pseudoscourfielda, Pycnococcus, Pyramimonas, Scherffelia oder Tetraselmis wie den Gattungen und Arten Heteromastix longifillilis, Mamiella gilva, Mantoniella squamata, Micromonas pusilla, Nephroselmis olivacea, Nephroselmis pyriformis, Nephroselmis rotunda, Ostreococcus tauri, Ostreococcus sp. Prasinocladus ascus, Prasinocladus lubricus, Pycnococcus provasolii, Pyramimonas amyliifera, Pyramimonas disomata, Pyramimonas obovata, Pyramimonas orientalis, Pyramimonas parkeae, Pyramimonas spinifera, Pyramimonas sp., Tetraselmis apiculata, Tetraselmis carteriformis, Tetraselmis chui, Tetraselmis convolutae, Tetraselmis desikacharyi, Tetraselmis gracilis, Tetraselmis hazeni, Tetraselmis impellucida, Tetraselmis inconspicua, Tetraselmis levis, Tetraselmis maculata, Tetraselmis marina, Tetraselmis striata, Tetraselmis subcordiformis, Tetraselmis suecica, Tetraselmis tetrabrachia, Tetraselmis tetrathele, Tetraselmis verrucosa, Tetraselmis verrucosa fo. rubens oder Tetraselmis sp. oder aus Algen der Familie Euglenaceae wie aus den Gattungen Ascoglena, Astasia, Colacium, Cyclidiopsis, Euglena, Euglenopsis, Hyalophacus, Khawkinea, Lepocinclis, Phacus, Strombomonas oder Trachelomonas wie die Gattungen und Art Euglena acus, Euglena geniculata, Euglena gracilis, Euglena mixocylindracea, Euglena rostrifera, Euglena viridis, Colacium stentorium, Trachelomonas cylindrica oder Trachelomonas volvocina. Vorteilhaft stammen die verwendeten Nukleinsäuren aus Algen der Gattungen Euglena, Mantoniella oder Ostreococcus.

Weitere vorteilhafte Pflanzen sind Algen wie Isochrysis oder Crypthecodinium, Algen/Diatomeen wie Thalassiosira oder Phaeodactylum, Moose wie Physcomitrella o-

der Ceratodon oder höheren Pflanzen wie den Primulaceae wie *Aleuritia*, *Calendula stellata*, *Osteospermum spinescens* oder *Osteospermum hyoseroides*, Mikroorganismen wie Pilzen wie *Aspergillus*, *Thraustochytrium*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Mortierella*, Bakterien wie *Shewanella*, Hefen oder Tieren wie Nematoden wie *Caenorhabditis*, Insekten, Fröschen, Seegurken oder Fischen. Vorteilhaft stammen die erfindungsgemäßen isolierten Nukleinsäuresequenzen aus einem Tier aus der Ordnung der Vertebraten. Bevorzugt stammen die Nukleinsäuresequenzen aus der Klasse der Vertebrata; Euteleostomi, Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Euteleostei, Protacanthopterygii, Salmoniformes; Salmonidae bzw. *Oncorhynchus* oder Vertebrata, Amphibia, Anura, Pipidae, *Xenopus* oder Evertabrata wie Protochordata, Tunicata, Holothuroidea, Cionidae wie *Amaroucium constellatum*, *Botryllus schlosseri*, *Ciona intestinalis*, *Molgula citrina*, *Molgula manhattensis*, *Perophora viridis* oder *Styela partita*. Besonders vorteilhaft stammen die Nukleinsäuren aus Pilzen, Tieren oder aus Pflanzen wie Algen oder Moosen, bevorzugt aus der Ordnung der Salmoniformes wie der Familie der Salmonidae wie der Gattung *Salmo* beispielsweise aus den Gattungen und Arten *Oncorhynchus mykiss*, *Trutta trutta* oder *Salmo trutta fario*, aus Algen wie den Gattungen *Mantoniella* oder *Ostreococcus* oder aus den Diatomeen wie den Gattungen *Thalassiosira* oder *Phaeodactylum* oder aus Algen wie *Cryptothecodinium*.

Vorteilhaft werden im erfindungsgemäßen Verfahren die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen oder deren Derivat oder Homologe, die für Polypeptide codieren, die noch die enzymatische Aktivität der durch Nukleinsäuresequenzen codierten Proteine besitzen. Diese Sequenzen werden einzeln oder in Kombination mit den für die Δ -12-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder ω -3-Desaturase codierenden Nukleinsäuresequenzen in Expressionskonstrukte cloniert und zum Einbringen und zur Expression in Organismen verwendet. Diese Expressionskonstrukte ermöglichen durch ihre Konstruktion eine vorteilhafte optimale Synthese der im erfindungsgemäßen Verfahren produzierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren.

Bei einer bevorzugten Ausführungsform umfasst das Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens einer Zelle oder eines ganzen Organismus, der die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen enthält, wobei die Zelle und/oder der Organismus mit einer erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz, die für die Δ -12-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder ω -3-Desaturase codiert, einem Genkonstrukt oder einem Vektor wie nachfolgend beschrieben, allein oder in Kombination mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine des Fettsäure- oder Lipidsstoffwechsels codieren, transformiert wird. Bei einer weiteren bevorzugten Ausführungsform umfasst dieses Verfahren ferner den Schritt des Gewinnens der Öle, Lipide oder freien Fettsäuren aus dem Organismus oder aus der Kultur. Bei der Kultur kann es sich beispielsweise um eine Fermentationskultur beispielsweise im Falle der Kultivierung von Mikroorganismen wie z.B. *Mortierella*, *Thalassiosira*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Saccharomyces* oder *Thraustochytrium* oder

um eine Treibhaus oder Feldkultur einer Pflanze handeln. Die so hergestellte Zelle oder der so hergestellte Organismus ist vorteilhaft eine Zelle eines Öl-produzierenden Organismus wie einer Ölfruchtpflanze wie beispielsweise Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Hanf, Erdnuss, Soja, Safflower, Hanf, Sonnenblumen oder Borretsch.

- 5 Unter Anzucht ist beispielsweise die Kultivierung im Falle von Pflanzenzellen, -gewebe oder -organe auf oder in einem Nährmedium oder der ganzen Pflanze auf bzw. in einem Substrat beispielsweise in Hydrokultur, Blumentopferde oder auf einem Ackerboden zu verstehen.

- 10 "Transgen" bzw. "Rekombinant" im Sinne der Erfindung bedeutet bezüglich zum Beispiel einer Nukleinsäuresequenz, einer Expressionskassette (= Genkonstrukt) oder einem Vektor enthaltend die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz oder einem Organismus transformiert mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Expressionskassette oder Vektor alle solche durch gentechnische Methoden zustande gekommenen Konstruktionen, in denen sich entweder

- 15 a) die erfindungsgemäße Nukleinsäuresequenz, oder
 b) eine mit der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenz funktionell verknüpfte genetische Kontrollsequenz, zum Beispiel ein Promotor, oder
 c) (a) und (b)

- 20 sich nicht in ihrer natürlichen, genetischen Umgebung befinden oder durch gentechnische Methoden modifiziert wurden, wobei die Modifikation beispielhaft eine Substitution, Addition, Deletion, Inversion oder Insertion eines oder mehrerer Nukleotidreste sein kann. Natürliche genetische Umgebung meint den natürlichen genomischen bzw. chromosomalen Locus in dem Herkunftsorganismus oder das Vorliegen in einer genomischen Bibliothek. Im Fall einer genomischen Bibliothek ist die natürliche, genetische Umgebung der Nukleinsäuresequenz bevorzugt zumindest noch teilweise erhalten. Die Umgebung flankiert die Nukleinsäuresequenz zumindest an einer Seite und hat eine Sequenzlänge von mindestens 50 bp, bevorzugt mindestens 500 bp, besonders bevorzugt mindestens 1000 bp, ganz besonders bevorzugt mindestens 5000 bp. Eine natürlich vorkommende Expressionskassette - beispielsweise die
- 30 natürlich vorkommende Kombination des natürlichen Promotors der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen mit den entsprechenden Δ -12-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Elongase- und/oder Δ -5-Elongasegenen – wird zu einer transgenen Expressionskassette, wenn diese durch nicht-natürliche, synthetische ("künstliche") Verfahren wie beispielsweise einer Mutagenisierung geändert wird. Entsprechende Verfahren sind beispielsweise beschrieben in US 5,565,350 oder
- 35 WO 00/15815.

Unter transgenen Organismus bzw. transgener Pflanze im Sinne der Erfindung ist wie vorgenannt zu verstehen, dass die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren nicht an

ihrer natürlichen Stelle im Genom eines Organismus sind, dabei können die Nukleinsäuren homolog oder heterolog exprimiert werden. Transgen bedeutet aber auch wie genannt, dass die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an ihrem natürlichen Platz im Genom eines Organismus sind, dass jedoch die Sequenz gegenüber der natürlichen Sequenz verändert wurde und/oder dass die Regulationssequenzen, der natürlichen Sequenzen verändert wurden. Bevorzugt ist unter transgen die Expression der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren an nicht natürlicher Stelle im Genom zu verstehen, das heißt eine homologe oder bevorzugt heterologe Expression der Nukleinsäuren liegt vor. Bevorzugte transgene Organismen sind Pilze wie *Mortierella* oder *Phytophthora*, Moose wie *Physcomitrella*, Algen wie *Mantoniella*, *Euglena*, *Cryptocodinium* oder *Ostreococcus*, Diatomeen wie *Thalassiosira* oder *Phaeodactylum* oder Pflanzen wie die Ölfuchtpflanzen.

Als Organismen bzw. Wirtsorganismen für die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die Expressionskassette oder den Vektor eignen sich prinzipiell vorteilhaft alle Organismen, die in der Lage sind Fettsäuren speziell ungesättigte Fettsäuren zu synthetisieren bzw. für die Expression rekombinanter Gene geeignet sind. Beispielhaft seien Pflanzen wie *Arabidopsis*, *Asteraceae* wie *Calendula* oder Kulturpflanzen wie Soja, Erdnuss, Rizinus, Sonnenblume, Mais, Baumwolle, Flachs, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, FärberSaflor (*Carthamus tinctorius*) oder Kakaobohne, Mikroorganismen wie Pilze beispielsweise die Gattung *Mortierella*, *Thraustochytrium*, *Saprolegnia*, *Phytophthora* oder *Pythium*, Bakterien wie die Gattung *Escherichia* oder *Shewanella*, Hefen wie die Gattung *Saccharomyces*, Cyanobakterien, Ciliaten, Algen wie *Mantoniella*, *Euglena*, *Thalassiosira* oder *Ostreococcus* oder Protozoen wie Dinoflagellaten wie *Cryptocodinium* genannt. Bevorzugt werden Organismen, die natürlicherweise Öle in größeren Mengen synthetisieren können wie Pilze wie *Mortierella alpina*, *Pythium insidiosum*, *Phytophthora infestans* oder Pflanzen wie Soja, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, FärberSaflor, Flachs, Hanf, Rizinus, *Calendula*, Erdnuss, Kakaobohne oder Sonnenblume oder Hefen wie *Saccharomyces cerevisiae*, besonders bevorzugt werden Soja, Flachs, Raps, FärberSaflor, Sonnenblume, *Calendula*, *Mortierella* oder *Saccharomyces cerevisiae*. Prinzipiell sind als Wirtsorganismen neben den vorgenannten transgenen Organismen auch transgene Tiere vorteilhaft nicht-humane Tiere geeignet beispielsweise *C. elegans*, *Ciona intestinalis* oder *Xenopus laevis*.

Nutzbare Wirtszellen sind weiterhin genannt in: Goeddel, Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990).

Verwendbare Expressionsstämme z.B. solche, die eine geringere Proteaseaktivität aufweisen sind beschrieben in: Gottesman, S., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, California (1990) 119-128.

Hierzu gehören Pflanzenzellen und bestimmte Gewebe, Organe und Teile von Pflanzen in all ihren Erscheinungsformen, wie Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotelydonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe,

reproduktives Gewebe und Zellkulturen, das von der eigentlichen transgenen Pflanze abgeleitet ist und/oder dazu verwendet werden kann, die transgene Pflanze hervorzubringen.

Transgene Pflanzen, die die im erfindungsgemäßen Verfahren synthetisierten mehrfach ungesättigten Fettsäuren enthalten, können vorteilhaft direkt vermarktet werden ohne dass die synthetisierten Öle, Lipide oder Fettsäuren isoliert werden müssen. Unter Pflanzen im erfindungsgemäßen Verfahren sind ganze Pflanzen sowie alle Pflanzenteile, Pflanzenorgane oder Pflanzenteile wie Blatt, Stiel, Samen, Wurzel, Knollen, Antheren, Fasern, Wurzelhaare, Stängel, Embryos, Kalli, Kotelydonen, Petiolen, Erntematerial, pflanzliches Gewebe, reproduktives Gewebe, Zellkulturen, die sich von der transgenen Pflanze ableiten und/oder dazu verwendet werden können, die transgene Pflanze hervorzubringen. Der Samen umfasst dabei alle Samenteile wie die Samenhüllen, Epidermis- und Samenzellen, Endosperm oder Embryogewebe. Die im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Verbindungen können aber auch aus den Organismen vorteilhaft Pflanzen in Form ihrer Öle, Fett, Lipide und/oder freien Fettsäuren isoliert werden. Durch dieses Verfahren hergestellte mehrfach ungesättigten Fettsäuren lassen sich durch Ernten der Organismen entweder aus der Kultur, in der sie wachsen, oder vom Feld ernten. Dies kann über Pressen oder Extraktion der Pflanzenteile bevorzugt der Pflanzensamen erfolgen. Dabei können die Öle, Fette, Lipide und/oder freien Fettsäuren durch sogenanntes kalt schlagen oder kalt pressen ohne Zuführung von Wärme durch Pressen gewonnen werden. Damit sich die Pflanzenteile speziell die Samen leichter aufschließen lassen, werden sie vorher zerkleinert, gedämpft oder geröstet. Die so vorbehandelten Samen können anschließend gepresst werden oder mit Lösungsmittel wie warmen Hexan extrahiert werden. Anschließend wird das Lösungsmittel wieder entfernt. Im Falle von Mikroorganismen werden diese nach Ernte beispielsweise direkt ohne weitere Arbeitsschritte extrahiert oder aber nach Aufschluss über verschiedene dem Fachmann bekannte Methoden extrahiert. Auf diese Weise können mehr als 96 % der im Verfahren hergestellten Verbindungen isoliert werden. Anschließend werden die so erhaltenen Produkte weiter bearbeitet, das heißt raffiniert. Dabei werden zunächst beispielsweise die Pflanzenschleime und Trübstoffe entfernt. Die sogenannte Entschleimung kann enzymatisch oder beispielsweise chemisch/physikalisch durch Zugabe von Säure wie Phosphorsäure erfolgen. Anschließend werden die freien Fettsäuren durch Behandlung mit einer Base beispielsweise Natronlauge entfernt. Das erhaltene Produkt wird zur Entfernung der im Produkt verbliebenen Lauge mit Wasser gründlich gewaschen und getrocknet. Um die noch im Produkt enthaltenen Farbstoffe zu entfernen werden die Produkte einer Bleichung mit beispielsweise Bleicherde oder Aktivkohle unterzogen. Zum Schluss wird das Produkt noch beispielsweise mit Wasserdampf noch desodoriert.

Vorzugsweise sind die durch dieses Verfahren produzierten PUFAs bzw. LCPUFAs C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Fettsäuremoleküle vorteilhaft C_{20} - oder C_{22} -Fettsäuremoleküle mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen. Diese C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Fettsäuremoleküle lassen sich aus dem Organismus in Form eines Öls, Lipids oder einer freien Fettsäure isolieren.

Geeignete Organismen sind beispielsweise die vorstehend erwähnten. Bevorzugte Organismen sind transgene Pflanzen.

Eine Ausführungsform der Erfindung sind deshalb Öle, Lipide oder Fettsäuren oder Fraktionen davon, die durch das oben beschriebene Verfahren hergestellt worden sind, besonders bevorzugt Öl, Lipid oder eine Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs umfassen und von transgenen Pflanzen herrühren.

Diese Öle, Lipide oder Fettsäuren enthalten wie oben beschrieben vorteilhaft 6 bis 15 % Palmitinsäure, 1 bis 6 % Stearinsäure; 7 – 85 % Ölsäure; 0,5 bis 8 % Vaccensäure, 0,1 bis 1 % Arachinsäure, 7 bis 25 % gesättigte Fettsäuren, 8 bis 85 % einfach ungesättigte Fettsäuren und 60 bis 85 % mehrfach ungesättigte Fettsäuren jeweils bezogen auf 100 % und auf den Gesamtfettsäuregehalt der Organismen. Als vorteilhafte mehrfach ungesättigte Fettsäure sind in den Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische bevorzugt mindestens 0,1; 0,2; 0,3; 0,4; 0,5; 0,6; 0,7; 0,8; 0,9 oder 1 % bezogen auf den Gesamtfettsäuregehalt an Arachidonsäure enthalten. Weiterhin enthalten die Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische, die nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellt wurden, vorteilhaft Fettsäuren ausgewählt aus der Gruppe der Fettsäuren Erucasäure (13-Docosaensäure), Sterculinsäure (9,10-Methylene octadec-9-enonsäure), Malvalinsäure (8,9-Methylen Heptadec-8-enonsäure), Chaulmoogrinsäure (Cyclopenten-dodecansäure), Furan-Fettsäure (9,12-Epoxy-octadeca-9,11-dienonsäure), Vernonsäure (9,10-Epoxyoctadec-12-enonsäure), Tarinsäure (6-Octadecynonsäure), 6-Nonadecynonsäure, Santalbinsäure (11-Octadecen-9-ynoic acid), 6,9-Octadecenynonsäure, Pyrulinsäure (10-Heptadecen-8-ynonsäure), Crepenyninsäure (9-Octadecen-12-ynonsäure), 13,14-Dihydrooropheinsäure, Octadecen-13-ene-9,11-dienonsäure, Petroselensäure (cis-6-Octadecenonsäure), 9c,12t-Octadecadiensäure, Calendulasäure (8t10t12c-Octadecatriensäure), Catalpinsäure (9t11t13c-Octadecatriensäure), Eleosterinsäure (9c11t13t-Octadecatriensäure), Jacarinsäure (8c10t12c-Octadecatriensäure), Punicinsäure (9c11t13c-Octadecatriensäure), Parinarinsäure (9c11t13t15c-Octadecatetraensäure), Pinolensäure (all-cis-5,9,12-Octadecatriensäure), Laballensäure (5,6-Octadecadienallensäure), Ricinolsäure (12-Hydroxyölsäure) und/oder Coriolinsäure (13-Hydroxy-9c,11t-Octadecadienonsäure). Die vorgenannten Fettsäuren kommen in den nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Fettsäureester bzw. Fettsäuregemischen in der Regel vorteilhaft nur in Spuren vor, das heißt sie kommen bezogen auf die Gesamtfettsäuren zu weniger als 30 %, bevorzugt zu weniger als 25 %, 24 %, 23 %, 22 % oder 21 %, besonders bevorzugt zu weniger als 20 %, 15 %, 10 %, 9 %, 8 %, 7 %, 6 % oder 5 %, ganz besonders bevorzugt zu weniger als 4 %, 3 %, 2 % oder 1 % vor. In einer weiteren bevorzugten Form der Erfindung kommen diese vorgenannten Fettsäuren bezogen auf die Gesamtfettsäuren zu weniger als 0,9%; 0,8%; 0,7%; 0,6%; oder 0,5%, besonders bevorzugt zu weniger als 0,4%; 0,3%; 0,2%; 0,1% vor. Vorteilhafte enthalten die nach dem erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten Fettsäureester bzw. Fettsäuregemische weniger als 0,1 % bezogen auf die Gesamtfettsäuren und/oder keine Butterbuttersäure, kein Cholesterin, keine Clupanodonsäure (=

Docosapentaensäure, C22:5^{Δ4,8,12,15,21}) sowie keine Nisinsäure (Tetracosahexaensäure, C23:6^{Δ3,8,12,15,18,21}).

Vorteilhaft enthalten die erfindungsgemäßen Öle, Lipide oder Fettsäuren mindestens 0,5%, 1%, 2%, 3%, 4% oder 5%, vorteilhaft mindestens 6%, 7%, 8%, 9% oder 10%,
5 besonders vorteilhaft mindestens 11%, 12%, 13%, 14% oder 15% ARA oder mindestens 0,5%, 1%, 2%, 3%, 4% oder 5%, vorteilhaft mindestens 6%, oder 7%, besonders vorteilhaft mindestens 8%, 9% oder 10% EPA und/oder DHA bezogen auf den
Gesamtfettsäuregehalt des Produktionsorganismus vorteilhaft einer Pflanze, besonders vorteilhaft einer Ölfuchtpflanze wie Soja, Raps, Kokosnuss, Ölpalme, Färber-
10 safflor, Flachs, Hanf, Rizinus, Calendula, Erdnuss, Kakaobohne, Sonnenblume oder den oben genannten weiteren ein- oder zweikeimblättrigen Ölfuchtpflanzen.

Eine weitere erfindungsgemäße Ausführungsform ist die Verwendung des Öls, Lipids, der Fettsäuren und/oder der Fettsäurezusammensetzung in Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika. Die erfindungsgemäßen Öle, Lipide, Fettsäuren oder Fettsäuregemische können in der dem Fachmann bekannten Weise zur
15 Abmischung mit anderen Ölen, Lipiden, Fettsäuren oder Fettsäuregemischen tierischen Ursprungs wie z.B. Fischölen verwendet werden. Auch diese Öle, Lipide, Fettsäuren oder Fettsäuregemische, die aus pflanzlichen und tierischen Bestandteilen bestehen, können zur Herstellung von Futtermitteln, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder
20 Pharmazeutika verwendet werden.

Unter dem Begriff "Öl", "Lipid" oder "Fett" wird ein Fettsäuregemisch verstanden, das ungesättigte, gesättigte, vorzugsweise veresterte Fettsäure(n) enthält. Bevorzugt ist, dass das Öl, Lipid oder Fett einen hohen Anteil an mehrfach ungesättigten freien oder vorteilhaft veresterten Fettsäure(n), insbesondere Linolsäure, γ-Linolensäure, Dihomo-
25 γ-linolensäure, Arachidonsäure, α-Linolensäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure hat. Vorzugsweise ist der Anteil an ungesättigten veresterten Fettsäuren ungefähr 30 %, mehr bevorzugt ist ein Anteil von 50 %, noch mehr bevorzugt ist ein Anteil von 60 %, 70 %, 80 % oder mehr. Zur Bestimmung kann z.B. der Anteil an Fettsäure nach Überführung
30 der Fettsäuren in die Methylestern durch Umesterung gaschromatographisch bestimmt werden. Das Öl, Lipid oder Fett kann verschiedene andere gesättigte oder ungesättigte Fettsäuren, z.B. Calendulasäure, Palmitin-, Palmitolein-, Stearin-, Ölsäure etc., enthalten. Insbesondere kann je nach Ausgangsorganismus der Anteil der verschiedenen Fettsäuren in dem Öl oder Fett schwanken.

35 Bei den im Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens zwei Doppelbindungen enthalten, handelt es sich wie oben beschrieben beispielsweise um Sphingolipide, Phosphoglyceride, Lipide, Glycolipide, Phospholipide, Monoacylglycerin, Diacylglycerin, Triacylglycerin oder sonstige Fettsäureester.

Aus den so im erfindungsgemäßen Verfahren hergestellten mehrfach ungesättigte
40 Fettsäuren mit vorteilhaft mindestens fünf oder sechs Doppelbindungen lassen sich die enthaltenden mehrfach ungesättigten Fettsäuren beispielsweise über eine Alkali-

behandlung beispielsweise wäßrige KOH oder NaOH oder saure Hydrolyse vorteilhaft in Gegenwart eines Alkohols wie Methanol oder Ethanol oder über eine enzymatische Abspaltung freisetzen und isolieren über beispielsweise Phasentrennung und anschließender Ansäuerung über z.B. H_2SO_4 . Die Freisetzung der Fettsäuren kann auch
 5 direkt ohne die vorhergehend beschriebene Aufarbeitung erfolgen.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren können nach Einbringung in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanzenzelle bzw. Pflanze entweder auf einem separaten Plasmid liegen oder vorteilhaft in das Genom der Wirtszelle integriert sein. Bei Integration in das Genom kann die Integration zufallsgemäß sein oder durch derartige
 10 Rekombination erfolgen, dass das native Gen durch die eingebrachte Kopie ersetzt wird, wodurch die Produktion der gewünschten Verbindung durch die Zelle moduliert wird, oder durch Verwendung eines Gens in trans, so dass das Gen mit einer funktionellen Expressionseinheit, welche mindestens eine die Expression eines Gens gewährleistende Sequenz und mindestens eine die Polyadenylierung eines funktionell
 15 transkribierten Gens gewährleistende Sequenz enthält, funktionell verbunden ist. Vorteilhaft werden die Nukleinsäuren über Multiexpressionskassetten oder Konstrukte zur multiparallelen Expression in die Organismen vorteilhaft zur multiparallelen samenspezifischen Expression von Genen in die Pflanzen gebracht.

Moose und Algen sind die einzigen bekannten Pflanzensysteme, die erhebliche
 20 Mengen an mehrfach ungesättigten Fettsäuren, wie Arachidonsäure (ARA) und/oder Eicosapentaensäure (EPA) und/oder Docosahexaensäure (DHA) herstellen. Moose enthalten PUFAs in Membranlipiden während Algen, algenverwandte Organismen und einige Pilze auch nennenswerte Mengen an PUFAs in der Triacylglycerolfraction akkumulieren. Daher eignen sich Nukleinsäuremoleküle, die aus solchen Stämmen
 25 isoliert werden, die PUFAs auch in der Triacylglycerolfraction akkumulieren, besonders vorteilhaft für das erfindungsgemäße Verfahren und damit zur Modifikation des Lipid- und PUFA-Produktionssystems in einem Wirt, insbesondere Pflanzen, wie Ölfuchtpflanzen, beispielsweise Raps, Canola, Lein, Hanf, Soja, Sonnenblumen, Borretsch. Sie sind deshalb vorteilhaft im erfindungsgemäßen Verfahren verwendbar.

Als Substrate der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- und/oder ω -3-Desaturase-Aktivität codieren, und/oder den weiteren verwendeten Nukleinsäuren wie den Nukleinsäuren, die für Polypeptide des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels
 35 ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenase(n), Lipoxxygenase(n), Triacylglycerol-Lipase(n), Allenoxid-Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n)
 40 codieren eignen sich vorteilhaft C_{16} -, C_{18} - oder C_{20} -Fettsäuren. Bevorzugt werden die

im Verfahren als Substrate umgesetzten Fettsäuren in Form ihrer Acyl-CoA-Ester und/oder ihrer Phospholipid-Ester umgesetzt.

5 Zur Herstellung der erfindungsgemäßen langkettigen PUFAs müssen die mehrfach ungesättigten C_{18} -Fettsäuren zunächst durch die enzymatische Aktivität einer Desaturase zunächst desaturiert und anschließend über eine Elongase um mindestens zwei Kohlenstoffatome verlängert werden. Nach einer Elongationsrunde führt diese Enzymaktivität zu C_{20} -Fettsäuren, und nach zwei Elongationsrunden zu C_{22} -Fettsäuren. Die Aktivität der erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Desaturasen und Elongasen führt vorzugsweise zu C_{18} -, C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuren vorteilhaft mit mindestens 10 zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen, besonders bevorzugt zu C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise mit drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen, ganz besonders bevorzugt mit fünf oder sechs Doppelbindungen im Molekül. Nachdem eine erste Desaturierung und die Verlängerung stattgefunden hat, können weitere Desaturierungs- und Elongierungsschritte wie 15 z.B. eine solche Desaturierung in Δ -5- und Δ -4-Position erfolgen. Besonders bevorzugt als Produkte des erfindungsgemäßen Verfahrens sind Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure und/oder Docosahexaensäure. Die C_{20} -Fettsäuren mit mindestens zwei Doppelbindungen in der Fettsäure können 20 durch die erfindungsgemäße enzymatische Aktivität in Form der freien Fettsäure oder in Form der Ester, wie Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide, Phosphoglyceride, Monoacylglycerin, Diacylglycerin oder Triacylglycerin, verlängert werden.

Der bevorzugte Biosyntheseort von Fettsäuren, Ölen, Lipiden oder Fette in den vorteilhaft verwendeten Pflanzen ist beispielsweise im allgemeinen der Samen oder 25 Zellschichten des Samens, so dass eine samenspezifische Expression der im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren sinnvoll ist. Es ist jedoch naheliegend, dass die Biosynthese von Fettsäuren, Ölen oder Lipiden nicht auf das Samengewebe beschränkt sein muss, sondern auch in allen übrigen Teilen der Pflanze - beispielsweise in Epidermiszellen oder in den Knollen - gewebespezifisch erfolgen kann.

30 Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismus wie Hefen wie *Saccharomyces* oder *Schizosaccharomyces*, Pilze wie *Mortierella*, *Aspergillus*, *Phytophthora*, *Entomophthora*, *Mucor* oder *Thraustochytrium* Algen wie *Isochrysis*, *Mantoniella*, *Euglena*, *Ostreococcus*, *Phaeodactylum* oder *Cryptocodinium* verwendet, so werden diese Organismen vorteilhaft fermentativ angezogen.

35 Durch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäuren, die für eine Δ -5-Elongase codieren, können im Verfahren die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren mindestens um 5 %, bevorzugt mindestens um 10 %, besonders bevorzugt mindestens um 20 %, ganz besonders bevorzugt um mindestens 50 % gegenüber dem Wildtyp der Organismen, die die Nukleinsäuren nicht rekombinant enthalten, erhöht 40 werden.

Durch das erfindungsgemäße Verfahren können die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den im Verfahren verwendeten Organismen prinzipiell auf zwei Arten erhöht werden. Es kann vorteilhaft der Pool an freien mehrfach ungesättigten Fettsäuren und/oder der Anteil der über das Verfahren hergestellten veresterten mehrfach ungesättigten Fettsäuren erhöht werden. Vorteilhaft wird durch das erfindungsgemäße Verfahren der Pool an veresterten mehrfach ungesättigten Fettsäuren in den transgenen Organismen erhöht.

Werden im erfindungsgemäßen Verfahren als Organismen Mikroorganismen verwendet, so werden sie je nach Wirtsorganismus in dem Fachmann bekannter Weise angezogen bzw. gezüchtet. Mikroorganismen werden in der Regel in einem flüssigen Medium, das eine Kohlenstoffquelle meist in Form von Zuckern, eine Stickstoffquelle meist in Form von organischen Stickstoffquellen wie Hefeextrakt oder Salzen wie Ammoniumsulfat, Spurenelemente wie Eisen-, Mangan-, Magnesiumsalze und gegebenenfalls Vitamine enthält, bei Temperaturen zwischen 0°C und 100°C, bevorzugt zwischen 10°C bis 60°C unter Sauerstoffbegasung angezogen. Dabei kann der pH der Nährflüssigkeit auf einen festen Wert gehalten werden, das heißt während der Anzucht reguliert werden oder nicht. Die Anzucht kann batch weise, semi batch weise oder kontinuierlich erfolgen. Nährstoffe können zu Beginn der Fermentation vorgelegt oder semikontinuierlich oder kontinuierlich nachgefüttert werden. Die hergestellten mehrfach ungesättigten Fettsäuren können nach dem Fachmann bekannten Verfahren wie oben beschrieben aus den Organismen isoliert werden. Beispielsweise über Extraktion, Destillation, Kristallisation, ggf. Salzfällung und/oder Chromatographie. Die Organismen können dazu vorher noch vorteilhaft aufgeschlossen werden.

Das erfindungsgemäße Verfahren wird, wenn es sich bei den Wirtsorganismen um Mikroorganismen handelt, vorteilhaft bei einer Temperatur zwischen 0°C bis 95°C, bevorzugt zwischen 10°C bis 85°C, besonders bevorzugt zwischen 15°C bis 75°C, ganz besonders bevorzugt zwischen 15°C bis 45°C durchgeführt.

Der pH-Wert wird dabei vorteilhaft zwischen pH 4 und 12, bevorzugt zwischen pH 6 und 9, besonders bevorzugt zwischen pH 7 und 8 gehalten.

Das erfindungsgemäße Verfahren kann batchweise, semi-batchweise oder kontinuierlich betrieben werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel (Bioprozeßtechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) zu finden.

Das zu verwendende Kulturmedium hat in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme zu genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener Mikroorganismen sind im Handbuch "Manual of Methods für General Bacteriology" der American Society für Bacteriology (Washington D. C., USA, 1981) enthalten.

Diese erfindungsgemäß einsetzbaren Medien umfassen wie oben beschrieben gewöhnlich eine oder mehrere Kohlenstoffquellen, Stickstoffquellen, anorganische Salze, Vitamine und/oder Spurenelemente.

- 5 Bevorzugte Kohlenstoffquellen sind Zucker, wie Mono-, Di- oder Polysaccharide. Sehr gute Kohlenstoffquellen sind beispielsweise Glucose, Fructose, Mannose, Galactose, Ribose, Sorbose, Ribulose, Lactose, Maltose, Saccharose, Raffinose, Stärke oder Cellulose. Man kann Zucker auch über komplexe Verbindungen, wie Melassen, oder andere Nebenprodukte der Zucker-Raffinierung zu den Medien geben. Es kann auch vorteilhaft sein, Gemische verschiedener Kohlenstoffquellen zuzugeben. Andere
- 10 mögliche Kohlenstoffquellen sind Öle und Fette wie z.B. Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und/oder Kokosfett, Fettsäuren wie z.B. Palmitinsäure, Stearinsäure und/oder Linolsäure, Alkohole und/oder Polyalkohole wie z. B. Glycerin, Methanol und/oder Ethanol und/oder organische Säuren wie z.B. Essigsäure und/oder Milchsäure.
- 15 Stickstoffquellen sind gewöhnlich organische oder anorganische Stickstoffverbindungen oder Materialien, die diese Verbindungen enthalten. Beispielhafte Stickstoffquellen umfassen Ammoniak in flüssiger- oder gasform oder Ammoniumsalze, wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat oder Ammoniumnitrat, Nitrate, Harnstoff, Aminosäuren oder komplexe Stickstoffquellen, wie
- 20 Maisquellwasser, Sojamehl, Sojaprotein, Hefeextrakt, Fleischextrakt und andere. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Anorganische Salzverbindungen, die in den Medien enthalten sein können, umfassen die Chlorid-, Phosphor- oder Sulfatsalze von Calcium, Magnesium, Natrium, Kobalt, Molybdän, Kalium, Mangan, Zink, Kupfer und Eisen.

- 25 Als Schwefelquelle für die Herstellung von schwefelhaltigen Feinchemikalien, insbesondere von Methionin, können anorganische schwefelhaltige Verbindungen wie beispielsweise Sulfate, Sulfite, Dithionite, Tetrathionate, Thiosulfate, Sulfide aber auch organische Schwefelverbindungen, wie Mercaptane und Thiole, verwendet werden.

- 30 Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden.

Chelatbildner können zum Medium gegeben werden, um die Metallionen in Lösung zu halten. Besonders geeignete Chelatbildner umfassen Dihydroxyphenole, wie Catechol oder Protocatechuat, oder organische Säuren, wie Citronensäure.

- 35 Die erfindungsgemäß zur Kultivierung von Mikroorganismen eingesetzten Fermentationsmedien enthalten üblicherweise auch andere Wachstumsfaktoren, wie Vitamine oder Wachstumsförderer, zu denen beispielsweise Biotin, Riboflavin, Thiamin, Folsäure, Nikotinsäure, Panthothemat und Pyridoxin gehören. Wachstumsfaktoren und Salze stammen häufig von komplexen Medienkomponenten, wie Hefeextrakt,

Melassen, Maisquellwasser und dergleichen. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genaue Zusammensetzung der Medienverbindungen hängt stark vom jeweiligen Experiment ab und wird für jeden spezifischen Fall individuell entschieden. Information über die Medienoptimierung ist erhältlich aus dem Lehrbuch "Applied Microbiol. Physiology, A Practical Approach" (Hrsg. P.M. Rhodes, P.F. Stanbury, IRL Press (1997) S. 53-73, ISBN 0 19 963577 3). Wachstumsmedien lassen sich auch von kommerziellen Anbietern beziehen, wie Standard 1 (Merck) oder BHI (Brain heart infusion, DIFCO) und dergleichen.

10 Sämtliche Medienkomponenten werden, entweder durch Hitze (20 min bei 1,5 bar und 121°C) oder durch Sterilfiltration, sterilisiert. Die Komponenten können entweder zusammen oder nötigenfalls getrennt sterilisiert werden. Sämtliche Medienkomponenten können zu Beginn der Anzucht zugegen sein oder wahlfrei kontinuierlich oder chargenweise hinzugegeben werden.

15 Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise zwischen 15°C und 45°C, vorzugsweise bei 25°C bis 40°C und kann während des Experimentes konstant gehalten oder verändert werden. Der pH-Wert des Mediums sollte im Bereich von 5 bis 8,5, vorzugsweise um 7,0 liegen. Der pH-Wert für die Anzucht lässt sich während der Anzucht durch Zugabe von basischen Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak bzw. Ammoniakwasser oder sauren Verbindungen wie Phosphorsäure oder Schwefelsäure kontrollieren. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel wie z. B. Fettsäurepolyglykolester, eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmiden können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie z. B. Antibiotika, hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff haltige Gasmischungen, wie z.B. Umgebungsluft, in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

30 Die so erhaltenen, insbesondere mehrfach ungesättigte Fettsäuren enthaltenden, Fermentationsbrühen haben üblicherweise eine Trockenmasse von 7,5 bis 25 Gew.-%.

35 Die Fermentationsbrühe kann anschließend weiterverarbeitet werden. Je nach Anforderung kann die Biomasse ganz oder teilweise durch Separationsmethoden, wie z. B. Zentrifugation, Filtration, Dekantieren oder einer Kombination dieser Methoden aus der Fermentationsbrühe entfernt oder vollständig in ihr belassen werden. Vorteilhaft wird die Biomasse nach Abtrennung aufgearbeitet.

40 Die Fermentationsbrühe kann aber auch ohne Zellabtrennung mit bekannten Methoden, wie z. B. mit Hilfe eines Rotationsverdampfers, Dünnschichtverdampfers, Fallfilmverdampfers, durch Umkehrosmose, oder durch Nanofiltration, eingedickt beziehungsweise aufkonzentriert werden. Diese aufkonzentrierte Fermentationsbrühe kann schließlich zur Gewinnung der darin enthaltenen Fettsäuren aufgearbeitet werden.

Die im Verfahren gewonnenen Fettsäuren eignen sich auch als Ausgangsmaterial für die chemische Synthese von weiteren Wertprodukten. Sie können beispielsweise in Kombination miteinander oder allein zur Herstellung von Pharmaka, Nahrungsmittel, Tierfutter oder Kosmetika verwendet werden.

- 5 Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongase codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Δ -5-Elongasen C_{20} -Fettsäuren mit mindestens vier Doppelbindungen im Fettsäuremolekül umsetzen; die vorteilhaft letztlich in Diacylglyceride und/oder Triacylglyceride eingebaut werden.
- 10 Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codieren und die eine Aminosäuresequenz enthalten ausgewählt aus der Gruppe einer Aminosäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 oder SEQ ID NO: 142 dargestellten Sequenz.
- 15 Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codieren und die eine Kombination der Aminosäuresequenzen enthalten ausgewählt aus der Gruppe:
 - a) SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140; oder
 - 20 b) SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 142 oder SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142; oder
 - c) SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142.

- 25 Die in den Sequenzen SEQ ID NO: 115 (NXXXHXXMYXXYX), SEQ ID NO: 116 (HHXXXWAWW), SEQ ID NO: 139 (LHXXHH), SEQ ID NO: 140 (TXXQXXQF), SEQ ID NO: 141 (DTXFMV) und SEQ ID NO: 142 (TQAQXXQF) wiedergegebenen Sequenzen stellen konservierte Bereiche der verschiedenen Elongasen wieder. Tabelle 2 gibt die Bedeutung der in den genannten Nukleinsäuresequenzen enthaltenen mit X bezeichneten Aminosäuren wieder (Spalte 3). Auch die bevorzugten Aminosäuren in
- 30 den verschiedenen Positionen sind der Tabelle zu entnehmen (Spalte 3). Spalte 1 gibt die SEQ ID NO wieder, Spalte 2 die Position in der Sequenz.

Tabelle 2: Bedeutung der mit X bezeichneten Aminosäure in den Konsensus-Sequenzen.

SEQ ID NO:	Position des X in der Sequenz	Aminosäure	bevorzugte Aminosäure
115 (NXXHXHXXMYXYYX)	2	Ser, Cys, Leu, Gly	Cys, Leu
115	3	Thr, Phe, Ile, Ser, Val, Trp, Gly	Phe, Trp
115	4	Val, Ile	Val, Ile
115	6	Val, Ile, Thr	Val, Ile
115	7	Ile, Phe, Val, Leu, Cys	Cys, Val
115	10	Ser, Gly, Tyr, Thr, Ala	Thr, Ser
115	13	Phe, Met, Thr, Leu, Ala, Gly	Leu
116 (HHXXXXWAWW)	3	Ala, Ser, Thr	Ala, Ser besonders bevorzugt Ala
116	4	Thr, Met, Val, Leu, Ile, Ser	Leu, Thr besonders bevorzugt Leu
116	5	Val, Thr, Met, Leu, Ile	Ile, Ser besonders bevorzugt Ile
116	6	Val, Met, Leu, Ile, Ala, Pro, Ser, Phe	Ile, Ser besonders bevorzugt Ile
139 LHXXHH	3	Val, Tyr, Ile	Val, Thr
139	4	Tyr, Phe	Tyr

SEQ ID NO:	Position des X in der Sequenz	Aminosäure	bevorzugte Aminosäure
140 TXXQXXQF	2	Asn, Asp, Thr, Gln, Met, Ser, Ala	Gln
140	3	Thr, Cys, Leu, Met, Ala, Ile, Val, Phe	Ala, Met
140	5	Met, Ile, Leu	Met
140	6	Val, Ile, Leu, Thr, Phe	Leu
141 DTXFMV	3	Leu, Ile, Val, Tyr, Phe, Ala	Phe
142 TQAQXXQF	5	Met, Ile, Leu	Met, Leu besonders bevor- zugt Met
142	6	Val, Ile, Leu, Thr, Phe	Leu

Besonders vorteilhafte Δ -5-Elongasen enthalten mindestens eine der Sequenzen SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 und/oder SEQ ID NO: 142.

Besonders vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

5

10

15

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 oder SEQ ID NO: 134 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63; SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67,

SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 codieren und eine Δ -5-Elongaseaktivität aufweisen.

Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -6-Elongaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 codieren und eine Δ -6-Elongaseaktivität aufweisen.

Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit ω -3-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 aufweisen und eine ω -3-Desaturaseaktivität aufweisen.

Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -6-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 89 oder in SEQ ID NO: 97 dargestellten Sequenz,

- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 89 oder SEQ ID NO: 97 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 codieren und eine Δ -6-Desaturaseaktivität aufweisen.

Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- 10 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 15 c) Derivate der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 codieren und eine Δ -5-Desaturaseaktivität aufweisen.

20 Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -4-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 95 oder in SEQ ID NO: 103 dargestellten Sequenz,
- 25 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 95 oder SEQ ID NO: 103 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 codieren und eine Δ -4-Desaturaseaktivität aufweisen.
- 30

Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 107 oder in SEQ ID NO: 109 dargestellten Sequenz,

b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder

5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 50 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 codieren und eine Δ -12-Desaturaseaktivität aufweisen.

10 Ein weiterer Erfindungsgegenstand sind Genkonstrukte, die die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 enthalten, wobei die Nukleinsäure funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen verbunden ist. Zusätzlich können weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n) im Genkonstrukt enthalten sein. Vorteilhaft sind zusätzlich Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe der Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -9-Desaturase, Δ -12-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -9-Elongase oder ω -3-Desaturase enthalten.

30 Vorteilhaft stammen alle die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen aus einem eukaryontischen Organismus wie einer Pflanze, einem Mikroorganismus oder einem Tier. Bevorzugt stammen die Nukleinsäuresequenzen aus der Ordnung Salmoniformes, Xenopus oder Ciona, Algen wie Mantoniella, Cryptocodinium, Euglena oder Ostreococcus, Pilzen wie der Gattung Phytophthora oder von Diatomeen wie den Gattungen Thalassiosira oder Phaeodactylum.

40 Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen, die für Proteine mit ω -3-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -9-Desaturase-, Δ -12-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- oder Δ -9-Elongase-Aktivität codieren, werden vorteilhaft allein oder bevorzugt in Kombination in einer Expressionskassette (= Nukleinsäurekonstrukt), die die Expression der Nukleinsäuren in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanze oder einem Mikroorganismus ermöglicht,

eingbracht. Es kann im Nukleinsäurekonstrukt mehr als eine Nukleinsäuresequenz einer enzymatischen Aktivität wie z.B. einer Δ -12-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder ω -3-Desaturase enthalten sein.

- 5 Zum Einbringen werden die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren vorteilhaft einer Amplifikation und Ligation in bekannter Weise unterworfen. Vorzugsweise geht man in Anlehnung an das Protokoll der Pfu-DNA-Polymerase oder eines Pfu/Taq-DNA-Polymerasegemisches vor. Die Primer werden in Anlehnung an die zu amplifizierende Sequenz gewählt. Zweckmäßigerweise sollten die Primer so gewählt werden, dass das
- 10 Amplifikat die gesamte kodogene Sequenz vom Start- bis zum Stop-Kodon umfasst. Im Anschluss an die Amplifikation wird das Amplifikat zweckmäßigerweise analysiert. Beispielsweise kann die Analyse nach gelelektrophoretischer Auftrennung hinsichtlich Qualität und Quantität erfolgen. Im Anschluss kann das Amplifikat nach einem
- 15 Standardprotokoll gereinigt werden (z.B. Qiagen). Ein Aliquot des gereinigten Amplifikats steht dann für die nachfolgende Klonierung zur Verfügung. Geeignete Klonierungsvektoren sind dem Fachmann allgemein bekannt. Hierzu gehören insbesondere Vektoren, die in mikrobiellen Systemen replizierbar sind, also vor allem Vektoren, die eine effiziente Klonierung in Hefen oder Pilze gewährleisten, und die stabile Transformation von Pflanzen ermöglichen. Zu nennen sind insbesondere verschiedene für die
- 20 T-DNA-vermittelte Transformation geeignete, binäre und co-integrierte Vektorsysteme. Derartige Vektorsysteme sind in der Regel dadurch gekennzeichnet, dass sie zumindest die für die Agrobacterium-vermittelte Transformation benötigten vir-Gene sowie die T-DNA begrenzenden Sequenzen (T-DNA-Border) beinhalten. Vorzugsweise umfassen diese Vektorsysteme auch weitere cis-regulatorische Regionen wie Promo-
- 25 toren und Terminatoren und/oder Selektionsmarker, mit denen entsprechend transformierte Organismen identifiziert werden können. Während bei co-integrierten Vektorsystemen vir-Gene und T-DNA-Sequenzen auf demselben Vektor angeordnet sind, basieren binäre Systeme auf wenigstens zwei Vektoren, von denen einer vir-Gene, aber keine T-DNA und ein zweiter T-DNA, jedoch kein vir-Gen trägt. Dadurch sind
- 30 letztere Vektoren relativ klein, leicht zu manipulieren und sowohl in E.-coli als auch in Agrobacterium zu replizieren. Zu diesen binären Vektoren gehören Vektoren der Serien pBIB-HYG, pPZP, pBecks, pGreen. Erfindungsgemäß bevorzugt verwendet werden Bin19, pBI101, pBinAR, pGPTV und pCAMBIA. Eine Übersicht über binäre Vektoren und ihre Verwendung gibt Hellens et al, Trends in Plant Science (2000) 5,
- 35 446–451. Für die Vektorpräparation können die Vektoren zunächst mit Restriktionsendonuklease(n) linearisiert und dann in geeigneter Weise enzymatisch modifiziert werden. Im Anschluss wird der Vektor gereinigt und ein Aliquot für die Klonierung eingesetzt. Bei der Klonierung wird das enzymatisch geschnittenen und erforderlichenfalls gereinigten Amplifikat mit ähnlich präparierten Vektorfragmenten mit Einsatz von
- 40 Ligase kloniert. Dabei kann ein bestimmtes Nukleinsäurekonstrukt bzw. Vektor- oder Plasmidkonstrukt einen oder auch mehrere kodogene Genabschnitte aufweisen. Vorzugsweise sind die kodogenen Genabschnitte in diesen Konstrukten mit regulatorischen Sequenzen funktional verknüpft. Zu den regulatorischen Sequenzen gehören insbesondere pflanzliche Sequenzen wie die oben beschriebenen Promotoren und

Terminatoren. Die Konstrukte lassen sich vorteilhafterweise in Mikroorganismen, insbesondere *Escherichia coli* und *Agrobacterium tumefaciens*, unter selektiven Bedingungen stabil propagieren und ermöglichen einen Transfer von heterologer DNA in Pflanzen oder Mikroorganismen.

- 5 Unter der vorteilhaften Verwendung von Klonierungsvektoren können die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte in Organismen wie Mikroorganismen oder vorteilhaft Pflanzen eingebracht werden und damit bei der Pflanzentransformation verwendet werden, wie denjenigen, die veröffentlicht sind in und dort zitiert sind: Plant Molecular Biology and Biotechnology (CRC Press, Boca Raton, Florida), Kapitel 6/7, S. 71-119 (1993); F.F. White, Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, 15-38; B. Jenes et al., Techniques for Gene Transfer, in: Transgenic Plants, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-143; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225)). Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die erfinderischen Nukleinsäuren und Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren lassen sich damit zur gentechnologischen Veränderung eines breiten Spektrums an Organismen vorteilhaft an Pflanzen verwenden, so dass diese bessere und/oder effizientere Produzenten von PUFAs werden.
- 20 Es gibt eine Reihe von Mechanismen, durch die eine Veränderung des erfindungsgemäßen Δ -12-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -6-Desaturase- und/oder ω -3-Desaturase-Proteins sowie der weiteren im Verfahren verwendeten Proteine wie die Δ -12-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase- oder Δ -4-Desaturase-Proteine möglich ist, so dass die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der vorteilhaft mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einer Pflanze bevorzugt in einer Ölfruchtpflanze oder einem Mikroorganismus aufgrund dieses veränderten Proteins direkt beeinflusst werden kann. Die Anzahl oder Aktivität der Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturase-Proteine oder -Gene kann erhöht werden, so dass größere Mengen der Genprodukte und damit letztlich größere Mengen der Verbindungen der allgemeinen Formel I hergestellt werden. Auch eine de novo Synthese in einem Organismus, dem die Aktivität und Fähigkeit zur Biosynthese der Verbindungen vor dem Einbringen des/der entsprechenden Gens/Gene fehlte, ist möglich. Entsprechendes gilt für die Kombination mit weiteren Desaturasen oder Elongasen oder weiteren Enzymen aus dem Fettsäure- und Lipidstoffwechsel. Auch die Verwendung verschiedener divergenter, d.h. auf DNA-Sequenzebene unterschiedlicher Sequenzen kann dabei vorteilhaft sein bzw. die Verwendung von Promotoren zur Genexpression, die eine andere zeitliche Genexpression z.B. abhängig vom Reifegrad eines Samens oder Öl-speichernden Gewebes ermöglicht.
- 40

Durch das Einbringen eines Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase-

und/oder Δ -4-Desaturase-Genes in einen Organismus allein oder in Kombination mit anderen Genen in eine Zelle kann nicht nur den Biosynthesefluss zum Endprodukt erhöht, sondern auch die entsprechende Triacylglycerin-Zusammensetzung erhöht oder de novo geschaffen werden. Ebenso kann die Anzahl oder Aktivität anderer

5 Gene, die am Import von Nährstoffen, die zur Biosynthese einer oder mehrerer Fettsäuren, Ölen, polaren und/oder neutralen Lipiden nötig sind, erhöht sein, so dass die Konzentration dieser Vorläufer, Cofaktoren oder Zwischenverbindungen innerhalb der Zellen oder innerhalb des Speicherkompartiments erhöht ist, wodurch die Fähigkeit

10 der Zellen zur Produktion von PUFAs, wie im folgenden beschrieben, weiter gesteigert wird. Durch Optimierung der Aktivität oder Erhöhung der Anzahl einer oder mehrerer Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturase-Gene, die an der Biosynthese dieser Verbindungen beteiligt sind, oder durch Zerstören der Aktivität

15 einer oder mehrerer Gene, die am Abbau dieser Verbindungen beteiligt sind, kann es möglich sein, die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion von Fettsäure- und Lipidmolekülen aus Organismen und vorteilhaft aus Pflanzen zu steigern.

Die im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten isolierten Nukleinsäuremoleküle codieren für Proteine oder Teile von diesen, wobei die Proteine oder das einzelne Protein oder Teile davon eine Aminosäuresequenz enthält, die ausreichend homolog

20 zu einer Aminosäuresequenz ist, die in den Sequenzen SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID

25 NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID

30 NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 dargestellt ist, so dass die Proteine oder Teile davon noch eine Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-

35 Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturase-Aktivität aufweisen. Vorzugsweise haben die Proteine oder Teile davon, die von dem Nukleinsäuremolekül/den Nukleinsäuremolekülen kodiert wird/werden, noch seine wesentliche enzymatische Aktivität und die Fähigkeit, am Stoffwechsel von zum Aufbau von Zellmembranen oder Lipidkörperchen in Organismen vorteilhaft in Pflanzen notwendigen Verbindungen

40 oder am Transport von Molekülen über diese Membranen teilzunehmen. Vorteilhaft sind die von den Nukleinsäuremolekülen kodierten Proteine zu mindestens etwa 50 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 %, 80 % oder 90 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr

identisch zu den in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenzen. Im Sinne der Erfindung ist unter Homologie oder homolog, Identität oder identisch zu verstehen.

Die Homologie wurde über den gesamten Aminosäure- bzw. Nukleinsäuresequenzbereich berechnet. Für das Vergleichen verschiedener Sequenzen stehen dem Fachmann eine Reihe von Programmen, die auf verschiedenen Algorithmen beruhen zur Verfügung. Dabei liefern die Algorithmen von Needleman und Wunsch oder Smith und Waterman besonders zuverlässige Ergebnisse. Für die Sequenzvergleiche wurde das Programm PileUp verwendet (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5 1989: 151-153) oder die Programme Gap und BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) und Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981)), die im GCG Software-Packet [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)] enthalten sind. Die oben in Prozent angegebenen Sequenzhomologiewerte wurden mit dem Programm GAP über den gesamten Sequenzbereich mit folgenden Einstellungen ermittelt: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 und Average Mismatch: 0.000. Diese Einstellungen wurden, falls nicht anders angegeben, immer als Standardeinstellungen für Sequenzvergleiche verwendet wurden.

Unter wesentlicher enzymatischer Aktivität der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -4-Desaturase ist zu verstehen, dass sie gegenüber den durch die Sequenz mit SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID

NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 und deren Derivate codierten Proteinen/Enzymen im Vergleich noch mindestens eine enzymatische Aktivität von mindestens 10 %, bevorzugt 20 %, besonders bevorzugt 30 % und ganz besonders 40 % aufweisen und damit am Stoffwechsel von zum Aufbau von Fettsäuren, Fettsäureester wie Diacylglyceride und/oder Triacylglyceride in einem Organismus vorteilhaft einer Pflanze oder Pflanzenzelle notwendigen Verbindungen oder am Transport von Molekülen über Membranen teilnehmen können, wobei C₁₈-, C₂₀- oder C₂₂-Kohlenstoffketten im Fettsäuremolekül mit Doppelbindungen an mindestens zwei, vorteilhaft drei, vier, fünf oder sechs Stellen gemeint sind.

Vorteilhaft im Verfahren verwendbare Nukleinsäuren stammen aus Bakterien, Pilzen, Diatomeen, Tieren wie *Caenorhabditis* oder *Oncorhynchus* oder Pflanzen wie Algen oder Moosen wie den Gattungen *Shewanella*, *Physcomitrella*, *Thraustochytrium*, *Fusarium*, *Phytophthora*, *Ceratodon*, *Mantoniella*, *Ostreococcus*, *Isochrysis*, *Aleurita*, *Muscarioides*, *Mortierella*, *Borago*, *Phaeodactylum*, *Cryptocodinium*, speziell aus den Gattungen und Arten *Oncorhynchus mykiss*, *Xenopus laevis*, *Ciona intestinalis*, *Thalassiosira pseudonana*, *Mantoniella squamata*, *Ostreococcus* sp., *Ostreococcus tauri*, *Euglena gracilis*, *Physcomitrella patens*, *Phytophthora infestans*, *Fusarium gramineum*, *Cryptocodinium cohnii*, *Ceratodon purpureus*, *Isochrysis galbana*, *Aleurita farinosa*, *Thraustochytrium* sp., *Muscarioides viallii*, *Mortierella alpina*, *Borago officinalis*, *Phaeodactylum tricornutum*, *Caenorhabditis elegans* oder besonders vorteilhaft aus *Oncorhynchus mykiss*, *Euglena gracilis*, *Thalassiosira pseudonana* oder *Cryptocodinium cohnii*.

Alternativ können im erfindungsgemäßen Verfahren Nukleotidsequenzen verwendet werden, die für eine Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -9-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -4-Desaturase codieren und die an eine Nukleotidsequenz, wie in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 dargestellt, vorteilhaft unter stringenten Bedingungen hybridisieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuresequenzen werden vorteilhaft in einer Expressionskassette, die die Expression der Nukleinsäuren in Organismen wie Mikroorganismen oder Pflanzen ermöglicht, eingebracht.

Dabei werden die Nukleinsäuresequenzen, die für die Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -9-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -4-Desaturase codieren, mit einem oder mehreren Regulationssignalen vorteilhafterweise zur Erhöhung der Genexpression funktionell verknüpft. Diese regulatorischen Sequenzen sollen die gezielte Expression der Gene und der Proteinexpression ermöglichen. Dies kann beispielsweise je nach Wirtsorganismus bedeuten, dass das Gen erst nach Induktion exprimiert und/oder überexprimiert wird, oder dass es sofort exprimiert und/oder überexprimiert wird. Beispielsweise handelt es sich bei diesen regulatorischen Sequenzen um Sequenzen an die Induktoren oder Repressoren binden und so die Expression der Nukleinsäure regulieren. Zusätzlich zu diesen neuen Regulationssequenzen oder anstelle dieser Sequenzen kann die natürliche Regulation dieser Sequenzen vor den eigentlichen Strukturgenen noch vorhanden sein und gegebenenfalls genetisch verändert worden sein, so dass die natürliche Regulation ausgeschaltet und die Expression der Gene erhöht wurde. Die Expressionskassette (= Expressionskonstrukt = Genkonstrukt) kann aber auch einfacher aufgebaut sein, das heißt es wurden keine zusätzlichen Regulationssignale vor die Nukleinsäuresequenz oder dessen Derivate inseriert und der natürliche Promotor mit seiner Regulation wurde nicht entfernt. Stattdessen wurde die natürliche Regulationssequenz so mutiert, dass keine Regulation mehr erfolgt und/oder die Genexpression gesteigert wird. Diese veränderten Promotoren können in Form von Teilsequenzen (= Promotor mit Teilen der erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen) auch allein vor das natürliche Gen zur Steigerung der Aktivität gebracht werden. Das Genkonstrukt kann außerdem vorteilhafterweise auch eine oder mehrere sogenannte "enhancer Sequenzen" funktionell verknüpft mit dem Promotor enthalten, die eine erhöhte Expression der Nukleinsäuresequenz ermöglichen. Auch am 3'-Ende der DNA-Sequenzen können zusätzliche vorteilhafte Sequenzen inseriert werden wie weitere regulatorische Elemente oder Terminatoren. Die Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Elongase- und/oder Δ -9-Elongase-Gene können in einer oder mehreren Kopien in der Expressionskassette (= Genkonstrukt) enthalten sein. Vorteilhaft liegt nur jeweils eine Kopie der Gene in der Expressionskassette vor. Dieses Genkonstrukt oder die Genkonstrukte können zusammen im Wirtsorganismus exprimiert werden. Dabei kann das Genkonstrukt oder die Genkonstrukte in einem oder mehreren Vektoren inseriert sein und frei in der Zelle vorliegen oder aber im Genom inseriert sein. Es ist vorteilhaft für die Insertion weiterer Gene im Wirtsgenom, wenn die zu exprimierenden Gene zusammen in einem Genkonstrukt vorliegen.

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhaft-

erweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird.

- 5 Eine weitere Ausführungsform der Erfindung sind ein oder mehrere Genkonstrukte, die eine oder mehrere Sequenzen enthalten, die durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35,
- 10 SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89,
- 15 SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 oder dessen Derivate definiert sind und für Polypeptide gemäß SEQ ID NO: 2, SEQ ID
- 20 NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54,
- 25 SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO:
- 30 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 kodieren. Die genannten Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturase-Proteine führen dabei vorteilhaft zu einer Desaturierung oder Elongierung von Fettsäuren, wobei das Substrat vorteilhaft ein, zwei, drei,
- 35 vier, fünf oder sechs Doppelbindungen aufweist und vorteilhaft 18, 20 oder 22 Kohlenstoffatome im Fettsäuremolekül aufweist. Gleiches gilt für ihre Homologen, Derivate oder Analoga, die funktionsfähig mit einem oder mehreren Regulationssignalen, vorteilhafterweise zur Steigerung der Genexpression, verbunden sind.
- 40 Vorteilhafte Regulationssequenzen für das neue Verfahren liegen beispielsweise in Promotoren vor, wie dem cos-, tac-, trp-, tet-, trp-tet-, lpp-, lac-, lpp-lac-, lacIq-, T7-, T5-, T3-, gal-, trc-, ara-, SP6-, λ -PR- oder λ -PL-Promotor und werden vorteilhafterweise in Gram-negativen Bakterien angewendet. Weitere vorteilhafte Regulations-

sequenzen liegen beispielsweise in den Gram-positiven Promotoren amy und SPO2, in den Hefe- oder Pilzpromotoren ADC1, MF α , AC, P-60, CYC1, GAPDH, TEF, rp28, ADH oder in den Pflanzenpromotoren CaMV/35S [Franck et al., Cell 21 (1980) 285–294], PRP1 [Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993)], SSU, OCS, lib4, usp, STLS1, B33, nos oder im Ubiquitin- oder Phaseolin-Promotor vor. In diesem Zusammenhang vorteilhaft sind ebenfalls induzierbare Promotoren, wie die in EP-A-0 388 186 (Benzylsulfonamid-induzierbar), Plant J. 2, 1992:397–404 (Gatz et al., Tetracyclin-induzierbar), EP-A-0 335 528 (Abzisinäure-induzierbar) oder WO 93/21334 (Ethanol- oder Cyclohexenol-induzierbar) beschriebenen Promotoren. Weitere geeignete Pflanzenpromotoren sind der Promotor von cytosolischer FBPase oder der ST-LSI-Promotor der Kartoffel (Stockhaus et al., EMBO J. 8, 1989, 2445), der Phosphoribosylpyrophosphatamidotransferase-Promotor aus Glycine max (Genbank-Zugangsnr. U87999) oder der in EP-A-0 249 676 beschriebene nodienspezifische Promotor. Besonders vorteilhafte Promotoren sind Promotoren, welche die Expression in Geweben ermöglichen, die an der Fettsäurebiosynthese beteiligt sind. Ganz besonders vorteilhaft sind samenspezifische Promotoren, wie der ausführungsgemäße USP Promotor aber auch andere Promotoren wie der LeB4-, DC3, Phaseolin- oder Napin-Promotor. Weitere besonders vorteilhafte Promotoren sind samenspezifische Promotoren, die für monokotyle oder dikotyle Pflanzen verwendet werden können und in US 5,608,152 (Napin-Promotor aus Raps), WO 98/45461 (Oleosin-Promotor aus Arabidopsis), US 5,504,200 (Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris), WO 91/13980 (Bce4-Promotor aus Brassica), von Bäumlein et al., Plant J., 2, 2, 1992:233–239 (LeB4-Promotor aus einer Leguminose) beschrieben sind, wobei sich diese Promotoren für Dikotyledonen eignen. Die folgenden Promotoren eignen sich beispielsweise für Monokotyledonen Ipt-2- oder Ipt-1-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230), Hordein-Promotor aus Gerste und andere, in WO 99/16890 beschriebene geeignete Promotoren.

Es ist im Prinzip möglich, alle natürlichen Promotoren mit ihren Regulationssequenzen, wie die oben genannten, für das neue Verfahren zu verwenden. Es ist ebenfalls möglich und vorteilhaft, zusätzlich oder alleine synthetische Promotoren zu verwenden, besonders wenn sie eine Samen-spezifische Expression vermitteln, wie z.B. beschrieben in WO 99/16890.

Um einen besonders hohen Gehalt an PUFAs vor allem in transgenen Pflanzen zu erzielen, sollten die PUFA-Biosynthesegene vorteilhaft samenspezifisch in Ölsaaten exprimiert werden. Hierzu können Samen-spezifische Promotoren verwendet werden, bzw. solche Promotoren die im Embryo und/oder im Endosperm aktiv sind. Samen-spezifische Promotoren können prinzipiell sowohl aus dikotyledonen als auch aus monokotyledonen Pflanzen isoliert werden. Im folgenden sind vorteilhafte bevorzugte Promotoren aufgeführt: USP (= unknown seed protein) und Vicilin (Vicia faba) [Bäumlein et al., Mol. Gen Genet., 1991, 225(3)], Napin (Raps) [US 5,608,152], Acyl-Carrier Protein (Raps) [US 5,315,001 und WO 92/18634], Oleosin (Arabidopsis thaliana) [WO 98/45461 und WO 93/20216], Phaseolin (Phaseolus vulgaris) [US 5,504,200], Bce4 [WO 91/13980], Leguminosen B4 (LegB4-Promotor) [Bäumlein et al., Plant J.,

2,2, 1992], Lpt2 und lpt1(Gerste) [WO 95/15389 u. WO95/23230], Samen-spezifische Promotoren aus Reis, Mais u. Weizen [WO 99/16890], Amy32b, Amy 6-6 und Aleurain [US 5,677,474], Bce4 (Raps) [US 5,530,149], Glycinin (Soja) [EP 571 741], Phosphoenol-Pyruvatcarboxylase (Soja) [JP 06/62870], ADR12-2 (Soja) [WO 98/08962],
 5 Isocitratlyase (Raps) [US 5,689,040] oder α -Amylase (Gerste) [EP 781 849].

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt.
 10 Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

Um eine stabile Integration der Biosynthesegene in die transgene Pflanze über mehrere Generation sicherzustellen, sollte jede der im Verfahren verwendeten
 15 Nukleinsäuren, die für die Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -9-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase und/oder Δ -4-Desaturase codieren, unter der Kontrolle eines eigenen bevorzugt eines unterschiedlichen Promotors exprimiert werden, da sich wiederholende Sequenzmotive zu Instabilität der T-DNA bzw. zu Rekombinationsereignissen führen können. Die
 20 Expressionskassette ist dabei vorteilhaft so aufgebaut, dass einem Promotor eine geeignete Schnittstelle zur Insertion der zu exprimierenden Nukleinsäure folgt vorteilhaft in einem Polylinker anschließend gegebenenfalls ein Terminator hinter dem Polylinker liegt. Diese Abfolge wiederholt sich mehrfach bevorzugt drei-, vier- oder fünfmal, so dass bis zu fünf Gene in einem Konstrukt zusammengeführt werden und
 25 so zur Expression in die transgene Pflanze eingebracht werden können. Vorteilhaft wiederholt sich die Abfolge bis zu dreimal. Die Nukleinsäuresequenzen werden zur Expression über die geeignete Schnittstelle beispielsweise im Polylinker hinter den Promotor inseriert. Vorteilhaft hat jede Nukleinsäuresequenz ihren eigenen Promotor und gegebenenfalls ihren eigenen Terminator. Derartige vorteilhafte Konstrukte werden
 30 beispielsweise in DE 10102337 oder DE 10102338 offenbart. Es ist aber auch möglich mehrere Nukleinsäuresequenzen hinter einem Promotor und ggf. vor einem Terminator zu inserieren. Dabei ist die Insertionsstelle bzw. die Abfolge der inserierten Nukleinsäuren in der Expressionskassette nicht von entscheidender Bedeutung, das heißt eine Nukleinsäuresequenz kann an erster oder letzter Stelle in der Kassette inseriert sein,
 35 ohne dass dadurch die Expression wesentlich beeinflusst wird. Es können in der Expressionskassette vorteilhaft unterschiedliche Promotoren wie beispielsweise der USP-, LegB4 oder DC3-Promotor und unterschiedliche Terminatoren verwendet werden. Es ist aber auch möglich nur einen Promotortyp in der Kassette zu verwenden. Dies kann jedoch zu unerwünschten Rekombinationsereignissen führen.

40 Wie oben beschrieben sollte die Transkription der eingebrachten Gene vorteilhaft durch geeignete Terminatoren am 3'-Ende der eingebrachten Biosynthesegene (hinter dem Stoppcodon) abgebrochen werden. Verwendet werden kann hier z.B. der OCS1

Terminator. Wie auch für die Promotoren, so sollten hier für jedes Gen unterschiedliche Terminatorsequenzen verwendet werden.

Das Genkonstrukt kann, wie oben beschrieben, auch weitere Gene umfassen, die in die Organismen eingebracht werden sollen. Es ist möglich und vorteilhaft, in die Wirtsorganismen Regulationsgene, wie Gene für Induktoren, Repressoren oder Enzyme, welche durch ihre Enzymaktivität in die Regulation eines oder mehrerer Gene eines Biosynthesewegs eingreifen, einzubringen und darin zu exprimieren. Diese Gene können heterologen oder homologen Ursprungs sein. Weiterhin können vorteilhaft im Nukleinsäurekonstrukt bzw. Genkonstrukt weitere Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthalten sein oder aber diese Gene können auf einem weiteren oder mehreren weiteren Nukleinsäurekonstrukten liegen. Vorteilhaft werden als Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ein Gen ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), Fettsäure-Acetylenase(n), Lipoxygenase(n), Triacylglycerol-Lipase(n), Allenoxid-Synthase(n), Hydroperoxid-Lyase(n) oder Fettsäure-Elongase(n) oder deren Kombinationen verwendet. Besonders vorteilhafte Nukleinsäuresequenzen sind Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels ausgewählt aus der Gruppe der Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase, ω -3-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -9-Desaturase, Δ -12-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Elongase und/oder Δ -9-Elongase.

Dabei können die vorgenannten Nukleinsäuren bzw. Gene in Kombination mit anderen Elongasen und Desaturasen in Expressionskassetten, wie den vorgenannten, kloniert werden und zur Transformation von Pflanzen Mithilfe von Agrobakterium eingesetzt werden.

Die regulatorischen Sequenzen bzw. Faktoren können dabei wie oben beschrieben vorzugsweise die Genexpression der eingeführten Gene positiv beeinflussen und dadurch erhöhen. So kann eine Verstärkung der regulatorischen Elemente vorteilhaft-erweise auf der Transkriptionsebene erfolgen, indem starke Transkriptionssignale wie Promotoren und/oder "Enhancer" verwendet werden. Daneben ist aber auch eine Verstärkung der Translation möglich, indem beispielsweise die Stabilität der mRNA verbessert wird. Die Expressionskassetten können prinzipiell direkt zum Einbringen in die Pflanze verwendet werden oder aber in einen Vektoren eingebracht werden.

Diese vorteilhaften Vektoren, vorzugsweise Expressionsvektoren, enthalten die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuren, die für die Δ -12-Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen oder Δ -4-Desaturasen codieren, oder ein Nukleinsäurekonstrukt, die die verwendeten Nukleinsäure allein oder in Kombination mit weiteren Biosynthesegenen des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels wie den Acyl-

CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen, ω -3-Desaturasasen, Δ -4-Desaturasasen, Δ -5-Desaturasasen, Δ -6-Desaturasasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -9-Desaturasasen, Δ -12-Desaturasasen, ω 3-Desaturasasen, Δ -5-Elongasen, Δ -6-Elongasen und/oder Δ -9-Elongasen. Wie hier verwendet, betrifft der Begriff "Vektor" ein Nukleinsäuremolekül, das eine andere Nukleinsäure transportieren kann, an welche es gebunden ist. Ein Vektortyp ist ein "Plasmid", was für eine zirkuläre doppelsträngige DNA-Schleife steht, in die zusätzlichen DNA-Segmente ligiert werden können. Ein weiterer Vektortyp ist ein viraler Vektor, wobei zusätzliche DNA-Segmente in das virale Genom ligiert werden können. Bestimmte Vektoren können in einer Wirtszelle, in die sie eingebracht worden sind, autonom replizieren (z.B. Bakterienvektoren mit bakteriellem Replikationsursprung). Andere Vektoren werden vorteilhaft beim Einbringen in die Wirtszelle in das Genom einer Wirtszelle integriert und dadurch zusammen mit dem Wirtsgenom repliziert. Zudem können bestimmte Vektoren die Expression von Genen, mit denen sie funktionsfähig verbunden sind, steuern. Diese Vektoren werden hier als "Expressionsvektoren" bezeichnet. Gewöhnlich haben Expressionsvektoren, die für DNA-Rekombinationstechniken geeignet sind, die Form von Plasmiden. In der vorliegenden Beschreibung können "Plasmid" und "Vektor" austauschbar verwendet werden, da das Plasmid die am häufigsten verwendete Vektorform ist. Die Erfindung soll jedoch diese anderen Expressionsvektorformen, wie virale Vektoren, die ähnliche Funktionen ausüben, umfassen. Ferner soll der Begriff Vektor auch andere Vektoren, die dem Fachmann bekannt sind, wie Phagen, Viren, wie SV40, CMV, TMV, Transposons, IS-Elemente, Phasmide, Phagemide, Cosmide, lineare oder zirkuläre DNA, umfassen.

Die im Verfahren vorteilhaft verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren umfassen die unten beschriebenen Nukleinsäuren oder das oben beschriebene Genkonstrukt in einer Form, die sich zur Expression der verwendeten Nukleinsäuren in einer Wirtszelle eignen, was bedeutet, dass die rekombinanten Expressionsvektoren eine oder mehrere Regulationssequenzen, ausgewählt auf der Basis der zur Expression zu verwendenden Wirtszellen, die mit der zu exprimierenden Nukleinsäuresequenz funktionsfähig verbunden ist, umfasst. In einem rekombinanten Expressionsvektor bedeutet "funktionsfähig verbunden", dass die Nukleotidsequenz von Interesse derart an die Regulationssequenz(en) gebunden ist, dass die Expression der Nukleotidsequenz möglich ist und sie aneinander gebunden sind, so dass beide Sequenzen die vorhergesagte, der Sequenz zugeschriebene Funktion erfüllen (z.B. in einem In-vitro-Transkriptions-/Translationssystem oder in einer Wirtszelle, wenn der Vektor in die Wirtszelle eingebracht wird). Der Begriff "Regulationssequenz" soll Promotoren, Enhancer und andere Expressionskontrollelemente (z.B. Polyadenylierungssignale) umfassen. Diese Regulationssequenzen sind z.B. beschrieben in Goeddel: Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, CA (1990), oder siehe: Gruber und Crosby, in: Methods in Plant Molecular Biology and Biotechnology, CRC Press, Boca Raton, Florida, Hrsgb.: Glick und Thompson, Kapitel 7, 89-108, einschließlich der Literaturstellen darin. Regulationssequenzen umfassen solche, welche die konstitutive Expression einer Nukleotidsequenz in vielen Wirtszelltypen steuern, und solche, welche die direkte Expression der Nukleotidsequenz nur in bestimmten Wirtszellen unter bestimmten Bedingungen steuern. Der Fachmann weiß,

dass die Gestaltung des Expressionsvektors von Faktoren, wie der Auswahl der zu transformierenden Wirtszelle, dem Ausmaß der Expression des gewünschten Proteins usw., abhängen kann.

Die verwendeten rekombinanten Expressionsvektoren können zur Expression von Δ -12-Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen und/oder Δ -4-Desaturasen in prokaryotischen oder eukaryotischen Zellen gestaltet sein. Dies ist vorteilhaft, da häufig Zwischenschritte der Vektorkonstruktion der Einfachheit halber in Mikroorganismen durchgeführt werden. Beispielsweise können die Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- und/oder Δ -4-Desaturase-Gene in bakteriellen Zellen, Insektenzellen (unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren), Hefe- und anderen Pilzzellen (siehe Romanos, M.A., et al. (1992) "Foreign gene expression in yeast: a review", *Yeast* 8:423-488; van den Hondel, C.A.M.J.J., et al. (1991) "Heterologous gene expression in filamentous fungi", in: *More Gene Manipulations in Fungi*, J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego; und van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi", in: *Applied Molecular Genetics of Fungi*, Peberdy, J.F., et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge), Algen (Falciatore et al., 1999, *Marine Biotechnology* 1, 3:239-251), Ciliaten der Typen: Holotrichia, Peritrichia, Spirotrichia, Suctoria, Tetrahymena, Paramecium, Colpidium, Glaucoma, Platyophrya, Potomacus, Desaturaseudocohnilembus, Euplotes, Engelmanniella und Stylonychia, insbesondere der Gattung Stylonychia lemnae, mit Vektoren nach einem Transformationsverfahren, wie beschrieben in WO 98/01572, sowie bevorzugt in Zellen vielzelliger Pflanzen (siehe Schmidt, R. und Willmitzer, L. (1988) "High efficiency Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of Arabidopsis thaliana leaf and cotyledon explants" *Plant Cell Rep.*:583-586; *Plant Molecular Biology and Biotechnology*, C Press, Boca Raton, Florida, Kapitel 6/7, S.71-119 (1993); F.F. White, B. Jené et al., *Techniques for Gene Transfer*, in: *Transgenic Plants*, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press (1993), 128-43; Potrykus, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Molec. Biol. 42 (1991), 205-225 (und darin zitierte Literaturstellen)) exprimiert werden. Geeignete Wirtszellen werden ferner erörtert in Goeddel, *Gene Expression Technology: Methods in Enzymology* 185, Academic Press, San Diego, CA (1990). Der rekombinante Expressionsvektor kann alternativ, zum Beispiel unter Verwendung von T7-Promotor-Regulationssequenzen und T7-Polymerase, in vitro transkribiert und translatiert werden.

Die Expression von Proteinen in Prokaryoten erfolgt meist mit Vektoren, die konstitutive oder induzierbare Promotoren enthalten, welche die Expression von Fusions- oder nicht-Fusionsproteinen steuern. Typische Fusions-Expressionsvektoren sind u.a. pGEX (Pharmacia Biotech Inc; Smith, D.B., und Johnson, K.S. (1988) *Gene* 67:31-40), pMAL (New England Biolabs, Beverly, MA) und pRIT5 (Pharmacia, Piscataway, NJ), bei denen Glutathion-S-Transferase (GST), Maltose E-bindendes Protein bzw. Protein A an das rekombinante Zielprotein fusioniert wird.

Beispiele für geeignete induzierbare nicht-Fusions-E. coli-Expressionsvektoren sind u.a. pTrc (Amann et al. (1988) Gene 69:301-315) und pET 11d (Studier et al., Gene Expression Technology: Methods in Enzymology 185, Academic Press, San Diego, Kalifornien (1990) 60-89). Die Zielgenexpression vom pTrc-Vektor beruht auf der
5 Transkription durch Wirts-RNA-Polymerase von einem Hybrid-trp-lac-Fusionspromotor. Die Zielgenexpression aus dem pET 11d-Vektor beruht auf der Transkription von einem T7-gn10-lac-Fusions-Promotor, die von einer coexprimierten viralen RNA-Polymerase (T7 gn1) vermittelt wird. Diese virale Polymerase wird von den Wirtsstämmen BL21 (DE3) oder HMS174 (DE3) von einem residenten λ -Prophagen
10 bereitgestellt, der ein T7 gn1-Gen unter der Transkriptionskontrolle des lacUV 5-Promotors birgt.

Andere in prokaryotischen Organismen geeignete Vektoren sind dem Fachmann bekannt, diese Vektoren sind beispielsweise in E. coli pLG338, pACYC184, die pBR-Reihe, wie pBR322, die pUC-Reihe, wie pUC18 oder pUC19, die M113mp-Reihe,
15 pKC30, pRep4, pHS1, pHS2, pPLc236, pMBL24, pLG200, pUR290, pIN-III113-B1, λ gt11 or pBdCl, in Streptomyces pIJ101, pIJ364, pIJ702 oder pIJ361, in Bacillus pUB110, pC194 oder pBD214, in Corynebacterium pSA77 oder pAJ667.

Bei einer weiteren Ausführungsform ist der Expressionsvektor ein Hefe-Expressionsvektor. Beispiele für Vektoren zur Expression in der Hefe *S. cerevisiae* umfassen
20 pYeDesaturasec1 (Baldari et al. (1987) Embo J. 6:229-234), pMFa (Kurjan und Herskowitz (1982) Cell 30:933-943), pJRY88 (Schultz et al. (1987) Gene 54:113-123) sowie pYES2 (Invitrogen Corporation, San Diego, CA). Vektoren und Verfahren zur Konstruktion von Vektoren, die sich zur Verwendung in anderen Pilzen, wie den filamentösen Pilzen, eignen, umfassen diejenigen, die eingehend beschrieben sind in:
25 van den Hondel, C.A.M.J.J., & Punt, P.J. (1991) "Gene transfer systems and vector development for filamentous fungi, in: Applied Molecular Genetics of fungi, J.F. Peberdy et al., Hrsgb., S. 1-28, Cambridge University Press: Cambridge, oder in: More Gene Manipulations in Fungi [J.W. Bennet & L.L. Lasure, Hrsgb., S. 396-428: Academic Press: San Diego]. Weitere geeignete Hefevektoren sind beispielsweise pAG-1,
30 YEp6, YEp13 oder pEMBLYe23.

Alternativ können die Δ -12-Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen und/oder Δ -4-Desaturasen in Insektenzellen unter Verwendung von Baculovirus-Expressionsvektoren exprimiert werden. Baculovirus-Vektoren, die zur Expression von
35 Proteinen in gezüchteten Insektenzellen (z.B. Sf9-Zellen) verfügbar sind, umfassen die pAc-Reihe (Smith et al. (1983) Mol. Cell Biol. 3:2156-2165) und die pVL-Reihe (Lucklow und Summers (1989) Virology 170:31-39).

Die oben genannten Vektoren bieten nur einen kleinen Überblick über mögliche geeignete Vektoren. Weitere Plasmide sind dem Fachmann bekannt und sind zum
40 Beispiel beschrieben in: Cloning Vectors (Hrsgb. Pouwels, P.H., et al., Elsevier, Amsterdam-New York-Oxford, 1985, ISBN 0 444 904018). Weitere geeignete Expres-

sionssysteme für prokaryotische und eukaryotische Zellen siehe in den Kapiteln 16 und 17 von Sambrook, J., Fritsch, E.F., und Maniatis, T., *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, 2. Auflage, Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989.

- 5 Bei einer weiteren Ausführungsform des Verfahrens können die Δ -12-Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen und/oder Δ -4-Desaturasen in einzelligen Pflanzenzellen (wie Algen), siehe Falciatore et al., 1999, *Marine Biotechnology* 1 (3):239-251 und darin zitierte Literaturangaben, und Pflanzenzellen aus höheren Pflanzen (z.B.
- 10 Spermatophyten, wie Feldfrüchten) exprimiert werden. Beispiele für Pflanzen-Expressionsvektoren umfassen solche, die eingehend beschrieben sind in: Becker, D., Kemper, E., Schell, J., und Masterson, R. (1992) "New plant binary vectors with selectable markers located proximal to the left border", *Plant Mol. Biol.* 20:1195-1197; und Bevan, M.W. (1984) "Binary Agrobacterium vectors for plant transformation", *Nucl.*
- 15 *Acids Res.* 12:8711-8721; Vectors for Gene Transfer in Higher Plants; in: *Transgenic Plants*, Bd. 1, Engineering and Utilization, Hrsgb.: Kung und R. Wu, Academic Press, 1993, S. 15-38.

- Eine Pflanzen-Expressionskassette enthält vorzugsweise Regulationssequenzen, welche die Genexpression in Pflanzenzellen steuern können und funktionsfähig
- 20 verbunden sind, so dass jede Sequenz ihre Funktion, wie Termination der Transkription, erfüllen kann, beispielsweise Polyadenylierungssignale. Bevorzugte Polyadenylierungssignale sind diejenigen, die aus *Agrobacterium tumefaciens*-T-DNA stammen, wie das als Octopinsynthase bekannte Gen 3 des Ti-Plasmids pTiACH5 (Gielen et al., *EMBO J.* 3 (1984) 835ff.) oder funktionelle Äquivalente davon, aber auch alle anderen
 - 25 in Pflanzen funktionell aktiven Terminatoren sind geeignet.

- Da die Pflanzengenexpression sehr oft nicht auf Transkriptionsebenen beschränkt ist, enthält eine Pflanzen-Expressionskassette vorzugsweise andere funktionsfähig
- verbunden Sequenzen, wie Translationsenhancer, beispielsweise die Overdrive-Sequenz, welche die 5'-untranslatierte Leader-Sequenz aus Tabakmosaikvirus, die
- 30 das Protein/RNA-Verhältnis erhöht, enthält (Gallie et al., 1987, *Nucl. Acids Research* 15:8693-8711).

- Die Pflanzengenexpression muss wie oben beschrieben funktionsfähig mit einem geeigneten Promotor verbunden sein, der die Genexpression auf rechtzeitige, zell- oder gewebespezifische Weise durchführt. Nutzbare Promotoren sind konstitutive
- 35 Promotoren (Benfey et al., *EMBO J.* 8 (1989) 2195-2202), wie diejenigen, die von Pflanzenviren stammen, wie 35S CAMV (Franck et al., *Cell* 21 (1980) 285-294), 19S CaMV (siehe auch US 5352605 und WO 84/02913) oder Pflanzenpromotoren, wie der in US 4,962,028 beschriebene der kleinen Untereinheit der Rubisco.

- Andere bevorzugte Sequenzen für die Verwendung zur funktionsfähigen Verbindung in
- 40 Pflanzengenexpressions-Kassetten sind Targeting-Sequenzen, die zur Steuerung des Genproduktes in sein entsprechendes Zellkompartiment notwendig sind (siehe eine

Übersicht in Kermode, Crit. Rev. Plant Sci. 15, 4 (1996) 285-423 und darin zitierte Literaturstellen), beispielsweise in die Vakuole, den Zellkern, alle Arten von Plastiden, wie Amyloplasten, Chloroplasten, Chromoplasten, den extrazellulären Raum, die Mitochondrien, das Endoplasmatische Retikulum, Ölkörper, Peroxisomen und andere Kompartimente von Pflanzenzellen.

Die Pflanzengenexpression lässt sich auch wie oben beschrieben über einen chemisch induzierbaren Promotor erleichtern (siehe eine Übersicht in Gatz 1997, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol., 48:89-108). Chemisch induzierbare Promotoren eignen sich besonders, wenn gewünscht wird, dass die Genexpression auf zeitspezifische Weise erfolgt. Beispiele für solche Promotoren sind ein Salicylsäure-induzierbarer Promotor (WO 95/19443), ein Tetracyclin-induzierbarer Promotor (Gatz et al. (1992) Plant J. 2, 397-404) und ein Ethanol-induzierbarer Promotor.

Auch Promotoren, die auf biotische oder abiotische Stressbedingungen reagieren, sind geeignete Promotoren, beispielsweise der pathogeninduzierte PRP1-Gen-Promotor (Ward et al., Plant. Mol. Biol. 22 (1993) 361-366), der hitzeinduzierbare hsp80-Promotor aus Tomate (US 5,187,267), der kälteinduzierbare Alpha-Amylase-Promotor aus Kartoffel (WO 96/12814) oder der durch Wunden induzierbare pinII-Promotor (EP-A-0 375 091).

Es sind insbesondere solche Promotoren bevorzugt, welche die Genexpression in Geweben und Organen herbeiführen, in denen die Fettsäure-, Lipid- und Ölsynthese stattfindet, in Samenzellen, wie den Zellen des Endosperms und des sich entwickelnden Embryos. Geeignete Promotoren sind der Napingen-Promotor aus Raps (US 5,608,152), der USP-Promotor aus Vicia faba (Bäumlein et al., Mol Gen Genet, 1991, 225 (3):459-67), der Oleosin-Promotor aus Arabidopsis (WO 98/45461), der Phaseolin-Promotor aus Phaseolus vulgaris (US 5,504,200), der Bce4-Promotor aus Brassica (WO 91/13980) oder der Legumin-B4-Promotor (LeB4; Bäumlein et al., 1992, Plant Journal, 2 (2):233-9) sowie Promotoren, welche die samenspezifische Expression in Monokotyledonen-Pflanzen, wie Mais, Gerste, Weizen, Roggen, Reis usw. herbeiführen. Geeignete beachtenswerte Promotoren sind der lpt2- oder lpt1-Gen-Promotor aus Gerste (WO 95/15389 und WO 95/23230) oder die in WO 99/16890 beschriebenen (Promotoren aus dem Gersten-Hordein-Gen, dem Reis-Glutelin-Gen, dem Reis-Oryzin-Gen, dem Reis-Prolamin-Gen, dem Weizen-Gliadin-Gen, Weizen-Glutelin-Gen, dem Mais-Zein-Gen, dem Hafer-Glutelin-Gen, dem Sorghum-Kasirin-Gen, dem Roggen-Secalin-Gen).

Insbesondere kann die multiparallele Expression der im Verfahren verwendeten Δ -12-Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -9-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -8-Desaturasen, Δ -6-Elongasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -5-Elongasen und/oder Δ -4-Desaturasen gewünscht sein. Die Einführung solcher Expressionskassetten kann über eine simultane Transformation mehrerer einzelner Expressionskonstrukte erfolgen oder bevorzugt durch Kombination mehrerer Expressionskassetten auf einem Konstrukt. Auch können

mehrere Vektoren mit jeweils mehreren Expressionskassetten transformiert und auf die Wirtszelle übertragen werden.

Ebenfalls besonders geeignet sind Promotoren, welche die plastidenspezifische Expression herbeiführen, da Plastiden das Kompartiment sind, in dem die Vorläufer sowie einige Endprodukte der Lipidbiosynthese synthetisiert werden. Geeignete Promotoren, wie der virale RNA-Polymerase-Promotor, sind beschrieben in WO 95/16783 und WO 97/06250, und der clpP-Promotor aus Arabidopsis, beschrieben in WO 99/46394.

Vektor-DNA lässt sich in prokaryotische oder eukaryotische Zellen über herkömmliche Transformations- oder Transfektionstechniken einbringen. Die Begriffe "Transformation" und "Transfektion", Konjugation und Transduktion, wie hier verwendet, sollen eine Vielzahl von im Stand der Technik bekannten Verfahren zum Einbringen fremder Nukleinsäure (z.B. DNA) in eine Wirtszelle, einschließlich Calciumphosphat- oder Calciumchlorid-Coprazipitation, DEAE-Dextran-vermittelte Transfektion, Lipofektion, natürliche Kompetenz, chemisch vermittelter Transfer, Elektroporation oder Teilchenbeschuss, umfassen. Geeignete Verfahren zur Transformation oder Transfektion von Wirtszellen, einschließlich Pflanzenzellen, lassen sich finden in Sambrook et al. (Molecular Cloning: A Laboratory Manual., 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) und anderen Labor-Handbüchern, wie Methods in Molecular Biology, 1995, Bd. 44, Agrobacterium protocols, Hrsgb: Gartland und Davey, Humana Press, Totowa, New Jersey.

Wirtszellen, die im Prinzip zum Aufnehmen der erfindungsgemäßen Nukleinsäure, des erfindungsgemäßen Genproduktes oder des erfindungsgemäßen Vektors geeignet sind, sind alle prokaryotischen oder eukaryotischen Organismen. Die vorteilhafterweise verwendeten Wirtsorganismen sind Mikroorganismen, wie Pilze oder Hefen oder Pflanzenzellen vorzugsweise Pflanzen oder Teile davon. Pilze, Hefen oder Pflanzen werden vorzugsweise verwendet, besonders bevorzugt Pflanzen, ganz besonders bevorzugt Pflanzen, wie Ölfuchtpflanzen, die große Mengen an Lipidverbindungen enthalten, wie Raps, Nachtkerze, Hanf, Diestel, Erdnuss, Canola, Lein, Soja, Saflor, Sonnenblume, Borretsch, oder Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Baumwolle, Maniok, Pfeffer, Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-Arten, Erbse, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) sowie ausdauernde Gräser und Futterfeldfrüchte. Besonders bevorzugte erfindungsgemäße Pflanzen sind Ölfuchtpflanzen, wie Soja, Erdnuss, Raps, Canola, Lein, Hanf, Nachtkerze, Sonnenblume, Saflor, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss).

Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind wie oben beschrieben isolierte Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongase-Aktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten Elongase C₁₆- und C₁₈- Fettsäuren mit einer Doppelbindung und vorteilhaft mehrfach ungesättigte C₁₈-Fettsäuren mit einer

$\Delta 6$ -Doppelbindung und mehrfach ungesättigte C_{20} -Fettsäuren mit einer $\Delta 5$ -Doppelbindung umgesetzt. C_{22} -Fettsäuren werden nicht elongiert.

Vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit $\Delta 5$ -Elongaseaktivität codieren und die eine Aminosäuresequenz enthalten ausgewählt aus der Gruppe einer Aminosäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 oder SEQ ID NO: 142 dargestellten Sequenz.

Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit $\Delta 5$ -Elongaseaktivität codieren und die eine Kombination der Aminosäuresequenzen enthalten ausgewählt aus der Gruppe:

- a) SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140; oder
- b) SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 142 oder SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142; oder
- 15 c) SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142.

Bevorzugte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit $\Delta 5$ -Elongaseaktivität codieren enthalten vorteilhaft die vorgenannten Aminosäuresequenzen. Diese werden in Tabelle 2 näher beschrieben.

20 Besonders vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Sequenz,
- 25 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 oder SEQ ID NO: 134 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 30 c) Derivate der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäu-
- 35

reebene mit SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 oder SEQ ID NO: 134 aufweisen und eine Δ -5-Elongaseaktivität aufweisen.

Weitere Erfindungsgegenstände sind die im folgenden aufgezählten Nukleinsäuresequenzen, die für Δ -6-Elongasen, ω -3-Desaturasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -4-Desaturasen oder Δ -12-Desaturasen codieren.

Weitere vorteilhafte isolierte Nukleinsäuresequenzen sind Sequenzen ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 codieren und eine Δ -6-Elongaseaktivität aufweisen.

Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit ω -3-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 aufweisen und eine ω -3-Desaturaseaktivität aufweisen.

Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -6-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 89 oder in SEQ ID NO: 97 dargestellten Sequenz,

- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 89 oder SEQ ID NO: 97 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 codieren und eine Δ -6-Desaturaseaktivität aufweisen.

Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- 10 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 15 c) Derivate der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 codieren und eine Δ -5-Desaturaseaktivität aufweisen.
- 20 Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -4-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 95 oder in SEQ ID NO: 103 dargestellten Sequenz,
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 25 c) Derivate der in SEQ ID NO: 95 oder SEQ ID NO: 103 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 codieren und eine Δ -6-
- 30 Desaturaseaktivität aufweisen.

Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:

- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 107 oder in SEQ ID NO: 109 dargestellten Sequenz,

- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 5 c) Derivate der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 50 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 codieren und eine Δ -12-Desaturaseaktivität aufweisen.

Die oben genannte erfindungsgemäßen Nukleinsäuren stammen von Organismen, wie nicht-humanen Tieren, Ciliaten, Pilzen, Pflanzen wie Algen oder Dinoflagellaten,
10 die PUFAs synthetisieren können.

Vorteilhaft stammen die isolierten oben genannten Nukleinsäuresequenzen aus der Ordnung Salmoniformes, Xenopus oder Ciona, den Diatomeengattungen Thalassiosira oder Crythecodinium oder aus der Familie der Prasinophyceae wie der Gattung Ostreococcus oder der Familie Euglenaceae wie der Gattung Euglena oder Pythiaceae
15 wie der Gattung Phytophthora stammt.

Ein weiterer erfindungsgemäßer Gegenstand sind wie oben beschrieben isolierte Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit ω -3-Desaturase-Aktivität codieren, wobei die durch die Nukleinsäuresequenzen codierten ω -3-Desaturasen C_{18} -, C_{20} - und C_{22} -Fettsäuren mit zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen und vorteilhaft mehrfach
20 ungesättigte C_{18} -Fettsäuren mit zwei oder drei Doppelbindungen und mehrfach ungesättigte C_{20} -Fettsäuren mit zwei, drei oder vier Doppelbindungen umsetzt. Auch C_{22} -Fettsäuren mit vier oder fünf Doppelbindungen werden desaturiert.

Zu den erfindungsgemäßen Gegenständen gehören außerdem, wie oben beschrieben, isolierte Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturasen, Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen und Δ -6-Desaturasen codieren, wobei die durch diese
25 Nukleinsäuresequenzen codierten Δ -12-Desaturasen, Δ -4-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen oder Δ -6-Desaturasen C_{18} -, C_{20} - und C_{22} -Fettsäuren mit ein, zwei, drei, vier oder fünf Doppelbindungen und vorteilhaft mehrfach ungesättigte C_{18} -Fettsäuren mit ein, zwei oder drei Doppelbindungen wie $C_{18:1}^{\Delta 9}$, $C_{18:2}^{\Delta 9,12}$ oder $C_{18:3}^{\Delta 9,12,15}$,
30 mehrfach ungesättigte C_{20} -Fettsäuren mit drei oder vier Doppelbindungen wie $C_{20:3}^{\Delta 8,11,14}$ oder $C_{20:4}^{\Delta 8,11,14,17}$ oder mehrfach ungesättigte C_{22} -Fettsäuren mit vier oder fünf Doppelbindungen wie $C_{22:4}^{\Delta 7,10,13,16}$ oder $C_{22:5}^{\Delta 7,10,13,16,19}$ umsetzen. Vorteilhaft werden die Fettsäuren in den Phospholipiden oder CoA-Fettsäureestern desaturiert, vorteilhaft in den CoA-Fettsäureester.

35 Der Begriff "Nukleinsäure(molekül)", wie hier verwendet, umfasst in einer vorteilhaften Ausführungsform zudem die am 3'- und am 5'-Ende des kodierenden Genbereichs gelegene untranslatierte Sequenz: mindestens 500, bevorzugt 200, besonders bevorzugt 100 Nukleotide der Sequenz stromaufwärts des 5'-Endes des kodierenden Bereichs und mindestens 100, bevorzugt 50, besonders bevorzugt 20 Nukleotide der
40 Sequenz stromabwärts des 3'-Endes des kodierenden Genbereichs. Ein "isoliertes"

Nukleinsäuremolekül wird von anderen Nukleinsäuremolekülen abgetrennt, die in der natürlichen Quelle der Nukleinsäure vorliegen. Eine "isolierte" Nukleinsäure hat vorzugsweise keine Sequenzen, welche die Nukleinsäure in der genomischen DNA des Organismus, aus dem die Nukleinsäure stammt, natürlicherweise flankieren (z.B. Sequenzen, die sich an den 5'- und 3'-Enden der Nukleinsäure befinden). Bei verschiedenen Ausführungsformen kann das isolierte Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturasemolekül zum Beispiel weniger als etwa 5 kb, 4 kb, 3 kb, 2 kb, 1 kb, 0,5 kb oder 0,1 kb an Nukleotidsequenzen enthalten, die natürlicherweise das Nukleinsäuremolekül in der genomischen DNA der Zelle, aus der die Nukleinsäure stammt flankieren.

Die im Verfahren verwendeten Nukleinsäuremoleküle, z.B. ein Nukleinsäuremolekül mit einer Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 oder eines Teils davon, kann unter Verwendung molekularbiologischer Standardtechniken und der hier bereitgestellten Sequenzinformation isoliert werden. Auch kann Mithilfe von Vergleichsalgorithmen beispielsweise eine homologe Sequenz oder homologe, konservierte Sequenzbereiche auf DNA oder Aminosäureebene identifiziert werden. Diese können als Hybridisierungssonde sowie Standard-Hybridisierungstechniken (wie z.B. beschrieben in Sambrook et al., Molecular Cloning: A Laboratory Manual. 2. Aufl., Cold Spring Harbor Laboratory, Cold Spring Harbor Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, 1989) zur Isolierung weiterer im Verfahren nützlicher Nukleinsäuresequenzen verwendet werden. Überdies lässt sich ein Nukleinsäuremolekül, umfassend eine vollständige Sequenz der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID

NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion isolieren, wobei

5 Oligonukleotidprimer, die auf der Basis dieser Sequenz oder von Teilen davon, verwendet werden (z.B. kann ein Nukleinsäuremolekül, umfassend die vollständigen Sequenz oder einen Teil davon, durch Polymerasekettenreaktion unter Verwendung von Oligonukleotidprimern isoliert werden, die auf der Basis dieser gleichen Sequenz

10 erstellt worden sind). Zum Beispiel lässt sich mRNA aus Zellen isolieren (z.B. durch das Guanidiniumthiocyanat-Extraktionsverfahren von Chirgwin et al. (1979) Biochemistry 18:5294-5299) und cDNA mittels Reverser Transkriptase (z.B. Moloney-MLV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Gibco/BRL, Bethesda, MD, oder AMV-Reverse-Transkriptase, erhältlich von Seikagaku America, Inc., St.Petersburg, FL) herstellen. Synthetische Oligonukleotidprimer zur Amplifizierung mittels Polymerasekettenreaktion

15 lassen sich auf der Basis einer der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID

20 NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID

25 NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Sequenzen oder Mithilfe der in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO:

30 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72,

35 SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID

40 NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenzen erstellen. Eine erfindungsgemäße Nukleinsäure kann unter Verwendung von cDNA oder alternativ von genomischer DNA als Matrize und geeigneten Oligonukleotidprimern gemäß Standard-PCR-Amplifikationstechniken amplifiziert werden. Die so amplifizierte Nukleinsäure kann in einen geeigneten Vektor kloniert

45 werden und mittels DNA-Sequenzanalyse charakterisiert werden. Oligonukleotide, die

einer Desaturase-Nukleotidsequenz entsprechen, können durch Standard-Syntheseverfahren, beispielsweise mit einem automatischen DNA-Synthesegerät, hergestellt werden.

Homologe der verwendeten Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturase-Nukleinsäuresequenzen mit der Sequenz SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 bedeutet beispielsweise allelische Varianten mit mindestens etwa 50 oder 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 oder 70 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 oder 80 %, 90 % oder 95 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 85 %, 86 %, 87 %, 88 %, 89 %, 90 %, 91 %, 92 %, 93 %, 94 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Identität bzw. Homologie zu einer in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Nukleotidsequenzen oder ihren Homologen, Derivaten oder Analoga oder Teilen davon. Weiterhin sind isolierte Nukleinsäuremoleküle einer Nukleotidsequenz, die an eine der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID

NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Nukleotidsequenzen oder einen Teil davon hybridisieren, z.B. unter stringenter Bedingungen hybridisiert. Unter einem Teil gemäß der Erfindung ist dabei zu verstehen, dass mindestens 25 Basenpaare (= bp), 50 bp, 75 bp, 100 bp, 125 bp oder 150 bp, bevorzugt mindestens 175 bp, 200 bp, 225 bp, 250 bp, 275 bp oder 300 bp, besonders bevorzugt 350 bp, 400 bp, 450 bp, 500 bp oder mehr Basenpaare für die Hybridisierung verwendet werden. Es kann auch vorteilhaft die Gesamtsequenz verwendet werden. Allelische Varianten umfassen insbesondere funktionelle Varianten, die sich durch Deletion, Insertion oder Substitution von Nukleotiden aus/in der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz erhalten lassen, wobei aber die Absicht ist, dass die Enzymaktivität der davon herrührenden synthetisierten Proteine für die Insertion eines oder mehrerer Gene vorteilhafterweise beibehalten wird. Proteine, die noch die enzymatische Aktivität der Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -9-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -8-Desaturase, Δ -6-Elongase, Δ -5-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -4-Desaturase besitzen, das heißt deren Aktivität im wesentlichen nicht reduziert ist, bedeutet Proteine mit mindestens 10 %, vorzugsweise 20 %, besonders bevorzugt 30 %, ganz besonders bevorzugt 40 % der ursprünglichen Enzymaktivität, verglichen mit dem durch SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ

ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 kodierten Protein. Die Homologie wurde über den gesamten Aminosäure- bzw. Nukleinsäuresequenzbereich berechnet. Für das Vergleichen verschiedener Sequenzen stehen dem Fachmann eine Reihe von Programmen, die auf verschiedenen Algorithmen beruhen zur Verfügung. Dabei liefern die Algorithmen von Needleman und Wunsch oder Smith und Waterman besonders zuverlässige Ergebnisse. Für die Sequenzvergleiche wurde das Programm PileUp verwendet (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5 1989: 151-153) oder die Programme Gap und BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) und Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981))], die im GCG Software-Packet [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)] enthalten sind. Die oben in Prozent angegebenen Sequenzhomologiewerte wurden mit dem Programm GAP über den gesamten Sequenzbereich mit folgenden Einstellungen ermittelt: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 und Average Mismatch: 0.000. Die falls nicht anders angegeben als Standardeinstellungen immer für Sequenzvergleiche verwendet wurden.

Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 bedeuten beispielsweise auch bakterielle, Pilz- und Pflanzenhomologen, verkürzte Sequenzen, einzelsträngige DNA oder RNA der kodierenden und nicht-kodierenden DNA-Sequenz.

Homologen der SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO:

113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 bedeutet auch Derivate, wie beispielsweise Promotorvarianten. Die Promotoren stromaufwärts der angegebenen Nukleotidsequenzen können durch einen oder mehrere Nukleotidaustausche, durch Insertion(en) und/oder Deletion(en) modifiziert werden, ohne dass jedoch die Funktionalität oder Aktivität der Promotoren gestört wird. Es ist weiterhin möglich, dass die Aktivität der Promotoren durch Modifikation ihrer Sequenz erhöht ist oder dass sie vollständig durch aktivere Promotoren, sogar aus heterologen Organismen, ersetzt werden.

- 10 Die vorgenannten Nukleinsäuren und Proteinmoleküle mit Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- und/oder Δ -4-Desaturase-Aktivität, die am Stoffwechsel von Lipiden und Fettsäuren, PUFA-Cofaktoren und Enzymen oder am Transport lipophiler Verbindungen über Membranen beteiligt sind, werden im erfindungsgemäßen
- 15 Verfahren zur Modulation der Produktion von PUFAs in transgenen Organismen vorteilhaft in Pflanzen, wie Mais, Weizen, Roggen, Hafer, Triticale, Reis, Gerste, Sojabohne, Erdnuss, Baumwolle, Linum Arten wie Öl- oder Faserlein, Brassica-Arten, wie Raps, Canola und Rübsen, Pfeffer, Sonnenblume, Borretsch, Nachtkerze und Tagetes, Solanaceen-Pflanzen, wie Kartoffel, Tabak, Aubergine und Tomate, Vicia-
- 20 Arten, Erbse, Maniok, Alfalfa, Buschpflanzen (Kaffee, Kakao, Tee), Salix-Arten, Bäume (Ölpalme, Kokosnuss) und ausdauernden Gräsern und Futterfeldfrüchten, entweder direkt (z.B. wenn die Überexpression oder Optimierung eines Fettsäurebiosynthese-Proteins einen direkten Einfluss auf die Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der Fettsäure aus modifizierten Organismen hat) verwendet und/oder
- 25 können eine indirekt Auswirkung haben, die dennoch zu einer Steigerung der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion der PUFAs oder einer Abnahme unerwünschter Verbindungen führt (z.B. wenn die Modulation des Stoffwechsels von Lipiden und Fettsäuren, Cofaktoren und Enzymen zu Veränderungen der Ausbeute, Produktion und/oder Effizienz der Produktion oder der Zusammensetzung der ge-
- 30 wünschten Verbindungen innerhalb der Zellen führt, was wiederum die Produktion einer oder mehrerer Fettsäuren beeinflussen kann).

Die Kombination verschiedener Vorläufermoleküle und Biosyntheseenzyme führt zur Herstellung verschiedener Fettsäuremoleküle, was eine entscheidende Auswirkung auf die Zusammensetzung der Lipide hat. Da mehrfach ungesättigte Fettsäuren (= PUFAs)

35 nicht nur einfach in Triacylglycerin sondern auch in Membranlipide eingebaut werden.

Besonders zur Herstellung von PUFAs, beispielsweise Stearidonsäure, Eicosapentaensäure und Docosahexaensäure eignen sich Brassicaceae, Boraginaceen, Primulaceen, oder Linaceen. Besonders vorteilhaft eignet sich Lein (*Linum usitatissimum*) zur Herstellung von PUFAs mit dem erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen

40 vorteilhaft, wie beschrieben, in Kombination mit weiteren Desaturasen und Elongasen.

Die Lipidsynthese lässt sich in zwei Abschnitte unterteilen: die Synthese von Fettsäuren und ihre Bindung an sn-Glycerin-3-Phosphat sowie die Addition oder Modifikation einer polaren Kopfgruppe. Übliche Lipide, die in Membranen verwendet werden, umfassen Phospholipide, Glycolipide, Sphingolipide und Phosphoglyceride. Die

- 5 Fettsäuresynthese beginnt mit der Umwandlung von Acetyl-CoA in Malonyl-CoA durch die Acetyl-CoA-Carboxylase oder in Acetyl-ACP durch die Acetyltransacylase. Nach einer Kondensationsreaktion bilden diese beiden Produktmoleküle zusammen Aceto-
- 10 acetyl-ACP, das über eine Reihe von Kondensations-, Reduktions- und Dehydratisierungsreaktionen umgewandelt wird, so dass ein gesättigtes Fettsäuremolekül mit der gewünschten Kettenlänge erhalten wird. Die Produktion der ungesättigten Fettsäuren aus diesen Molekülen wird durch spezifische Desaturasen katalysiert, und zwar
- 15 entweder aerob mittels molekularem Sauerstoff oder anaerob (bezüglich der Fettsäuresynthese in Mikroorganismen siehe F.C. Neidhardt et al. (1996) *E. coli* und *Salmonella*. ASM Press: Washington, D.C., S. 612-636 und darin enthaltene Literaturstellen; Lengeler et al. (Hrsgb.) (1999) *Biology of Prokaryotes*. Thieme: Stuttgart, New York, und die enthaltene Literaturstellen, sowie Magnuson, K., et al. (1993) *Microbiological Reviews* 57:522-542 und die enthaltenen Literaturstellen). Die so hergestellten an Phospholipide gebundenen Fettsäuren müssen anschließend wieder für die weitere
- 20 Elongationen aus den Phospholipiden in den FettsäureCoA-Ester-Pool überführt werden. Dies ermöglichen Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferasen. Weiterhin können diese Enzyme die elongierten Fettsäuren wieder von den CoA-Estern auf die Phospholipide übertragen. Diese Reaktionsabfolge kann gegebenenfalls mehrfach durchlaufen werden.

- 25 Vorläufer für die PUFA-Biosynthese sind beispielsweise Ölsäure, Linol- und Linolensäure. Diese C_{18} -Kohlenstoff-Fettsäuren müssen auf C_{20} und C_{22} verlängert werden, damit Fettsäuren vom Eicosa- und Docosa-Kettentyp erhalten werden. Mithilfe der im Verfahren verwendeten Desaturasen wie der Δ -12-, ω 3-, Δ -4-, Δ -5-, Δ -6- und Δ -8-Desaturasen und/oder der Δ -5-, Δ -6-, Δ -9-Elongasen können Arachidonsäure, Eicosapentaensäure, Docosapentaensäure oder Docosahexaensäure vorteilhaft
- 30 Eicosapentaensäure und/oder Docosahexaensäure hergestellt werden und anschließend für verschiedene Zwecke bei Nahrungsmittel-, Futter-, Kosmetik- oder pharmazeutischen Anwendungen verwendet werden. Mit den genannten Enzymen können C_{20} - und/oder C_{22} -Fettsäuren mit mindestens zwei vorteilhaft mindestens drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäuremolekül, vorzugsweise C_{20} - oder C_{22} -
- 35 Fettsäuren mit vorteilhaft vier, fünf oder sechs Doppelbindungen im Fettsäuremolekül hergestellt werden. Die Desaturierung kann vor oder nach Elongation der entsprechenden Fettsäure erfolgen. Daher führen die Produkte der Desaturaseaktivitäten und der möglichen weiteren Desaturierung und Elongation zu bevorzugten PUFAs mit höherem Desaturierungsgrad, einschließlich einer weiteren Elongation von C_{20} zu C_{22} -
- 40 Fettsäuren, zu Fettsäuren wie γ -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Arachidonsäure, Stearidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Substrate der verwendeten Desaturasen und Elongasen im erfindungsgemäßen Verfahren sind C_{16} -, C_{18} - oder C_{20} -Fettsäuren wie zum Beispiel Linolsäure, γ -Linolensäure, α -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure, Eicosatetraensäure oder Stearidonsäure. Bevorzugte Sub-

strate sind Linolsäure, γ -Linolensäure und/oder α -Linolensäure, Dihomo- γ -linolensäure bzw. Arachidonsäure, Eicosatetraensäure oder Eicosapentaensäure. Die synthetisierten C_{20} - oder C_{22} -Fettsäuren mit mindestens zwei, drei, vier, fünf oder sechs Doppelbindungen in der Fettsäure fallen im erfindungsgemäßen Verfahren in Form der freien Fettsäure oder in Form ihrer Ester beispielsweise in Form ihrer Glyceride an.

Unter dem Begriff "Glycerid" wird ein mit ein, zwei oder drei Carbonsäureresten verestertes Glycerin verstanden (Mono-, Di- oder Triglycerid). Unter "Glycerid" wird auch ein Gemisch an verschiedenen Glyceriden verstanden. Das Glycerid oder das Glyceridgemisch kann weitere Zusätze, z.B. freie Fettsäuren, Antioxidantien, Proteine, Kohlenhydrate, Vitamine und/oder andere Substanzen enthalten.

Unter einem "Glycerid" im Sinne des erfindungsgemäßen Verfahrens werden ferner vom Glycerin abgeleitete Derivate verstanden. Dazu zählen neben den oben beschriebenen Fettsäureglyceriden auch Glycerophospholipide und Glyceroglycolipide. Bevorzugt seien hier die Glycerophospholipide wie Lecithin (Phosphatidylcholin), Cardiolipin, Phosphatidylglycerin, Phosphatidylserin und Alkylacylglycerophospholipide beispielhaft genannt.

Ferner müssen Fettsäuren anschließend an verschiedene Modifikationsorte transportiert und in das Triacylglycerin-Speicherlipid eingebaut werden. Ein weiterer wichtiger Schritt bei der Lipidsynthese ist der Transfer von Fettsäuren auf die polaren Kopfgruppen, beispielsweise durch Glycerin-Fettsäure-Acyltransferase (siehe Frentzen, 1998, Lipid, 100(4-5):161-166).

Veröffentlichungen über die Pflanzen-Fettsäurebiosynthese, Desaturierung, den Lipidstoffwechsel und Membrantransport von fetthaltigen Verbindungen, die Betaoxidation, Fettsäuremodifikation und Cofaktoren, Triacylglycerin-Speicherung und -Assemblierung einschließlich der Literaturstellen darin siehe in den folgenden Artikeln: Kinney, 1997, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 19:149-166; Ohlrogge und Browse, 1995, Plant Cell 7:957-970; Shanklin und Cahoon, 1998, Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 49:611-641; Voelker, 1996, Genetic Engineering, Hrsgb.: JK Setlow, 18:111-13; Gerhardt, 1992, Prog. Lipid R. 31:397-417; Gühnemann-Schäfer & Kindl, 1995, Biochim. Biophys. Acta 1256:181-186; Kunau et al., 1995, Prog. Lipid Res. 34:267-342; Stymne et al., 1993, in: Biochemistry and Molecular Biology of Membrane and Storage Lipids of Plants, Hrsgb.: Murata und Somerville, Rockville, American Society of Plant Physiologists, 150-158, Murphy & Ross 1998, Plant Journal. 13(1):1-16.

Die im Verfahren hergestellten PUFAs, umfassen eine Gruppe von Molekülen, die höhere Tiere nicht mehr synthetisieren können und somit aufnehmen müssen oder die höhere Tiere nicht mehr ausreichend selbst herstellen können und somit zusätzlich aufnehmen müssen, obwohl sie leicht von anderen Organismen, wie Bakterien, synthetisiert werden, beispielsweise können Katzen Arachidonsäure nicht mehr synthetisieren.

Unter Phospholipiden im Sinne der Erfindung sind zu verstehen Phosphatidylcholin, Phosphatidylethanolamin, Phosphatidylserin, Phosphatidylglycerin und/oder Phosphatidylinositol vorteilhafterweise Phosphatidylcholin. Die Begriffe Produktion oder Produktivität sind im Fachgebiet bekannt und beinhalten die Konzentration des Fermentationsproduktes (Verbindungen der Formel I), das in einer bestimmten Zeitspanne und einem bestimmten Fermentationsvolumen gebildet wird (z.B. kg Produkt pro Stunde pro Liter). Es umfasst auch die Produktivität innerhalb einer Pflanzenzelle oder einer Pflanze, das heißt den Gehalt an den gewünschten im Verfahren hergestellten Fettsäuren bezogen auf den Gehalt an allen Fettsäuren in dieser Zelle oder Pflanze. Der Begriff Effizienz der Produktion umfasst die Zeit, die zur Erzielung einer bestimmten Produktionsmenge nötig ist (z.B. wie lange die Zelle zur Aufrichtung einer bestimmten Durchsatzrate einer Feinchemikalie benötigt). Der Begriff Ausbeute oder Produkt/Kohlenstoff-Ausbeute ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Effizienz der Umwandlung der Kohlenstoffquelle in das Produkt (d.h. die Feinchemikalie). Dies wird gewöhnlich beispielsweise ausgedrückt als kg Produkt pro kg Kohlenstoffquelle. Durch Erhöhen der Ausbeute oder Produktion der Verbindung wird die Menge der gewonnenen Moleküle oder der geeigneten gewonnenen Moleküle dieser Verbindung in einer bestimmten Kulturmenge über einen festgelegten Zeitraum erhöht. Die Begriffe Biosynthese oder Biosyntheseweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Synthese einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle aus Zwischenverbindungen, beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Die Begriffe Abbau oder Abbauweg sind im Fachgebiet bekannt und umfassen die Spaltung einer Verbindung, vorzugsweise einer organischen Verbindung, durch eine Zelle in Abbauprodukte (allgemeiner gesagt, kleinere oder weniger komplexe Moleküle) beispielsweise in einem Mehrschritt- und stark regulierten Prozess. Der Begriff Stoffwechsel ist im Fachgebiet bekannt und umfasst die Gesamtheit der biochemischen Reaktionen, die in einem Organismus stattfinden. Der Stoffwechsel einer bestimmten Verbindung (z.B. der Stoffwechsel einer Fettsäure) umfasst dann die Gesamtheit der Biosynthese-, Modifikations- und Abbauwege dieser Verbindung in der Zelle, die diese Verbindung betreffen.

Bei einer weiteren Ausführungsform kodieren Derivate des erfindungsgemäßen Nukleinsäuremoleküls wieder gegeben in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 Proteine mit mindestens 40 %, vorteilhaft etwa 50 oder 60 %, vorzugsweise mindestens etwa 60 oder 70 % und stärker bevorzugt mindestens etwa 70 oder 80 %, 80 bis 90 %, 90 bis 95 % und am stärksten bevorzugt mindestens etwa 96 %, 97 %, 98 %, 99 % oder mehr Homologie (= Identität) zu einer vollständigen Aminosäuresequenz der SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID

NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 oder SEQ ID NO: 184. Die Homologie wurde über den gesamten Aminosäure- bzw. Nukleinsäuresequenzbereich berechnet. Für die Sequenzvergleiche wurde das Programm PileUp verwendet (J. Mol. Evolution., 25, 351-360, 1987, Higgins et al., CABIOS, 5 1989: 151-153) oder die Programme Gap und BestFit [Needleman and Wunsch (J. Mol. Biol. 48; 443-453 (1970) und Smith and Waterman (Adv. Appl. Math. 2; 482-489 (1981))], die im GCG Software-Packet [Genetics Computer Group, 575 Science Drive, Madison, Wisconsin, USA 53711 (1991)] enthalten sind. Die oben in Prozent angegebenen Sequenzhomologiewerte wurden mit dem Programm BestFit über den gesamten Sequenzbereich mit folgenden Einstellungen ermittelt: Gap Weight: 50, Length Weight: 3, Average Match: 10.000 und Average Mismatch: 0.000. Die falls nicht anders angegeben als Standardeinstellungen immer für Sequenzvergleiche verwendet wurden.

Die Erfindung umfasst zudem Nukleinsäuremoleküle, die sich von einer der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Nukleotidsequenzen (und Teilen davon) aufgrund des degenerierten genetischen Codes unterscheiden und somit die gleiche Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -6-Elongase oder Δ -5-Elongase codieren wie diejenige, die von den in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Nukleotidsequenzen kodiert wird.

Zusätzlich zu den in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 gezeigten Δ -12-

Desaturasen, ω -3-Desaturasen, Δ -5-Elongasen, Δ -6-Desaturasen, Δ -5-Desaturasen, Δ -4-Desaturasen oder Δ -6-Elongasen erkennt der Fachmann, dass DNA-Sequenzpolymorphismen, die zu Änderungen in den Aminosäuresequenzen der Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase und/oder Δ -6-Elongase führen, innerhalb einer Population existieren können. Diese genetischen Polymorphismen im Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase- und/oder Δ -6-Elongase-Gen können zwischen Individuen innerhalb einer Population aufgrund von natürlicher Variation existieren. Diese natürlichen Varianten bewirken üblicherweise eine Varianz von 1 bis 5 % in der Nukleotidsequenz des Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase- und/oder Δ -6-Elongase-Gens. Sämtliche und alle dieser Nukleotidvariationen und daraus resultierende Aminosäurepolymorphismen in der Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -5-Elongase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase und/oder Δ -6-Elongase, die das Ergebnis natürlicher Variation sind und die funktionelle Aktivität von nicht verändern, sollen im Umfang der Erfindung enthalten sein.

Für das erfindungsgemäße Verfahren vorteilhafte Nukleinsäuremoleküle können auf der Grundlage ihrer Homologie zu den hier offenbarten Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -5-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase- und/oder Δ -6-Elongase-Nukleinsäuren unter Verwendung der Sequenzen oder eines Teils davon als Hybridisierungssonde gemäß Standard-Hybridisierungstechniken unter stringenten Hybridisierungsbedingungen isoliert werden. Dabei können beispielsweise isolierte Nukleinsäuremoleküle verwendet werden, die mindestens 15 Nukleotide lang sind und unter stringenten Bedingungen mit dem Nukleinsäuremolekülen, die eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 umfassen, hybridisieren. Es können auch Nukleinsäuren mindestens 25, 50, 100, 250 oder mehr Nukleotide verwendet werden. Der Begriff "hybridisiert unter stringenten Bedingungen", wie hier verwendet, soll Hybridisierungs- und Waschbedingungen beschreiben, unter denen Nukleotidsequenzen, die mindestens 60 % homolog zueinander sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Die Bedingungen sind vorzugsweise derart, dass Sequenzen, die mindestens etwa 65 %, stärker bevorzugt mindestens etwa 70 % und noch stärker bevorzugt mindestens etwa 75 % oder stärker zueinander homolog sind, gewöhnlich aneinander hybridisiert bleiben. Diese stringenten Bedingungen sind dem Fachmann bekannt und lassen sich in Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons, N. Y. (1989), 6.3.1-6.3.6., finden. Ein bevorzugtes, nicht einschränkendes Beispiel für stringente Hybridisierungsbedingungen sind Hybridisierungen in 6 x Natriumchlorid/Natriumcitrat (sodium chloride/sodium citrate = SSC) bei etwa 45°C, gefolgt von einem oder mehreren Waschschritten in 0,2 x SSC, 0,1 % SDS bei 50 bis

- 65°C. Dem Fachmann ist bekannt, dass diese Hybridisierungsbedingungen sich je nach dem Typ der Nukleinsäure und, wenn beispielsweise organische Lösungsmittel vorliegen, hinsichtlich der Temperatur und der Konzentration des Puffers unterscheiden. Die Temperatur unterscheidet sich beispielsweise unter "Standard-Hybridisierungsbedingungen" je nach dem Typ der Nukleinsäure zwischen 42°C und 58°C in wässrigem Puffer mit einer Konzentration von 0,1 bis 5 x SSC (pH 7,2). Falls organisches Lösungsmittel im obengenannten Puffer vorliegt, zum Beispiel 50 % Formamid, ist die Temperatur unter Standardbedingungen etwa 42°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:DNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 20°C bis 45°C, vorzugsweise zwischen 30°C und 45°C. Vorzugsweise sind die Hybridisierungsbedingungen für DNA:RNA-Hybride zum Beispiel 0,1 x SSC und 30°C bis 55°C, vorzugsweise zwischen 45°C und 55°C. Die vorstehend genannten Hybridisierungstemperaturen sind beispielsweise für eine Nukleinsäure mit etwa 100 bp (= Basenpaare) Länge und einem G + C-Gehalt von 50 % in Abwesenheit von Formamid bestimmt. Der Fachmann weiß, wie die erforderlichen Hybridisierungsbedingungen anhand von Lehrbüchern, wie dem vorstehend erwähnten oder aus den folgenden Lehrbüchern Sambrook et al., "Molecular Cloning", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989; Hames und Higgins (Hrsgb.) 1985, "Nucleic Acids Hybridization: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford; Brown (Hrsgb.) 1991, "Essential Molecular Biology: A Practical Approach", IRL Press at Oxford University Press, Oxford, bestimmt werden können.

- Zur Bestimmung der prozentualen Homologie (= Identität) von zwei Aminosäuresequenzen (z.B. einer der Sequenzen der SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 oder SEQ ID NO: 184) oder von zwei Nukleinsäuren (z.B. SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183) werden die Sequenzen zum Zweck des optimalen Vergleichs untereinander geschrieben (z.B. können Lücken in die Sequenz eines Proteins oder einer Nukleinsäure eingefügt werden, um ein optimales Alignment mit dem anderen Protein oder der anderen Nukleinsäure zu erzeugen). Die Aminosäurereste oder Nukleotide an den entsprechenden Aminosäurepositionen oder Nukleotidpositionen werden dann verglichen. Wenn eine Position in einer Sequenz durch den gleichen Aminosäurerest oder das gleiche Nukleotid wie die entsprechende Stelle in der anderen Sequenz belegt wird, dann sind die Moleküle an dieser Position homolog (d.h. Aminosäure- oder

Nukleinsäure-"Homologie", wie hier verwendet, entspricht Aminosäure- oder Nukleinsäure-"Identität"). Die prozentuale Homologie zwischen den beiden Sequenzen ist eine Funktion der Anzahl an identischen Positionen, die den Sequenzen gemeinsam sind (d.h. % Homologie = Anzahl der identischen Positionen/Gesamtanzahl der Positionen x 100). Die Begriffe Homologie und Identität sind damit als Synonym anzusehen. Die verwendeten Programme bzw. Algorithmen sind oben beschrieben.

Ein isoliertes Nukleinsäuremolekül, das für eine Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Elongase und/oder Δ -6-Elongase kodiert, die zu einer Proteinsequenz der SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 90, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 106, SEQ ID NO: 108, SEQ ID NO: 110, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134 oder SEQ ID NO: 184 homolog ist, kann durch Einbringen einer oder mehrerer Nukleotidsubstitutionen, -additionen oder -deletionen in eine Nukleotidsequenz der SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 erzeugt werden, so dass eine oder mehrere Aminosäuresubstitutionen, -additionen oder -deletionen in das kodierte Protein eingebracht werden. Mutationen können in eine der Sequenzen der SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 durch Standardtechniken, wie stellenspezifische Mutagenese und PCR-vermittelte Mutagenese, eingebracht werden. Vorzugsweise werden konservative Aminosäuresubstitutionen an einer oder mehreren der vorhergesagten nicht-essentiellen Aminosäureresten hergestellt. Bei einer "konservativen Aminosäuresubstitution" wird der Aminosäurerest gegen einen Aminosäurerest mit einer ähnlichen Seitenkette ausgetauscht. Im Fachgebiet sind Familien von Aminosäureresten mit ähnlichen Seitenketten definiert worden. Diese Familien umfassen Aminosäuren mit basischen Seitenketten (z.B. Lysin, Arginin, Histidin), sauren Seitenketten (z.B. Asparaginsäure, Glutaminsäure), ungeladenen polaren Seitenketten (z.B. Glycin, Asparagin, Glutamin, Serin, Threonin, Tyrosin, Cystein), unpolaren Seitenketten, (z.B. Alanin, Valin, Leucin, Isoleucin, Prolin, Phenylalanin, Methionin, Tryptophan), beta-verzweigten Seitenketten (z.B. Threonin, Valin, Isoleucin) und aromatischen Seitenketten (z.B. Tyrosin, Phenylalanin, Tryp-

tophan, Histidin). Ein vorhergesagter nicht-essentieller Aminosäurerest in einer Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -6-Elongase wird somit vorzugsweise durch einen anderen Aminosäurerest aus der gleichen Seitenkettenfamilie ausgetauscht. Alternativ können bei einer anderen Ausführungsform die Mutationen zufallsgemäß über die gesamte oder einen Teil der Δ -12-Desaturase, ω -3-Desaturase, Δ -6-Desaturase, Δ -5-Desaturase, Δ -4-Desaturase, Δ -5-Elongase oder Δ -6-Elongase kodierenden Sequenz eingebracht werden, z.B. durch Sättigungsmutagenese, und die resultierenden Mutanten können nach der hier beschriebenen Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -6-Elongase-Aktivität durchmustert werden, um Mutanten zu identifizieren, die die Δ -12-Desaturase-, ω -3-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -6-Elongase-Aktivität beibehalten haben. Nach der Mutagenese einer der Sequenzen SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 kann das kodierte Protein rekombinant exprimiert werden, und die Aktivität des Proteins kann z.B. unter Verwendung der hier beschriebenen Tests bestimmt werden.

Weitere Erfindungsgegenstände sind transgene nicht-humane Organismen, die die erfindungsgemäßen Nukleinsäuren SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 87, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 105, SEQ ID NO: 107, SEQ ID NO: 109, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133 oder SEQ ID NO: 183 enthalten oder ein Genkonstrukt oder einen Vektor, die diese erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen enthalten. Vorteilhaft handelt es sich bei dem nicht-humanen Organismus um einen Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze, besonders bevorzugt um eine Pflanze.

Diese Erfindung wird durch die nachstehenden Beispiele weiter veranschaulicht, die nicht als beschränkend aufgefasst werden sollten. Der Inhalt sämtlicher in dieser Patentanmeldung zitierten Literaturstellen, Patentanmeldungen, Patente und veröffentlichten Patentanmeldungen ist hier durch Bezugnahme aufgenommen.

Beispiele

Beispiel 1: Allgemeine Klonierungsverfahren:

- Die Klonierungsverfahren wie z.B. Restriktionsspaltungen, Agarose-Gelelektrophorese, Reinigung von DNA-Fragmenten, Transfer von Nukleinsäuren auf Nitrozellulose und Nylon Membranen, Verknüpfen von DNA-Fragmenten, Transformation von *Escherichia coli* Zellen, Anzucht von Bakterien und die Sequenzanalyse rekombinanter DNA wurden wie bei Sambrook et al. (1989) (Cold Spring Harbor Laboratory Press: ISBN 0-87969-309-6) beschrieben durchgeführt.

Beispiel 2: Sequenzanalyse rekombinanter DNA:

- Die Sequenzierung rekombinanter DNA-Moleküle erfolgte mit einem Laserfluoreszenz-DNA-Sequenzierer der Firma ABI nach der Methode von Sanger (Sanger et al. (1977) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 74, 5463-5467). Fragmente resultierend aus einer Polymerase Kettenreaktion wurden zur Vermeidung von Polymerasefehlern in zu exprimierenden Konstrukten sequenziert und überprüft.

Beispiel 3: Klonierung von Genen aus *Oncorhynchus mykiss*

Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen entsprechend der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene wurden zwei Sequenzen mit entsprechenden Motiven in der Sequenzdatenbank von Genbank identifiziert.

Gen-Name	Genbank No	Aminosäuren
OmELO2	CA385234, CA364848, CA366480	264
OmELO3	CA360014, CA350786	295

- Gesamt-RNA von *Oncorhynchus mykiss* wurde mit Hilfe des RNAeasy Kits der Firma Qiagen (Valencia, CA, US) isoliert. Aus der Gesamt-RNA wurde mit Hilfe von oligo-dT-Cellulose poly-A+ RNA (mRNA) isoliert (Sambrook et al., 1989). Die RNA wurde mit dem Reverse Transcription System Kit von Promega revers transkribiert und die synthetisierte cDNA in den lambda ZAP Vektor (lambda ZAP Gold, Stratagene) kloniert. Entsprechend Herstellerangaben wurde die cDNA zur Plasmid-DNA entpackt. Die cDNA-Plasmid-Bank wurde dann für die PCR zur Klonierung von Expressionsplasmiden verwendet.

Beispiel 4: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen

Für die Klonierung der zwei Sequenzen zur heterologen Expression in Hefen wurden folgende Oligonukleotide für die PCR-Reaktion verwendet:

Primer	Nukleotidsequenz
5' f* OmELO2	5' aagcttacataatggcttcaacatggcaa (SEQ ID NO: 179)
3' r* OmELO2	5' ggatccttatgtcttctgcttctctggt (SEQ ID NO: 180)
5' f OmELO3	5' aagcttacataatggagactttta (SEQ ID NO: 181)
3' r OmELO3	5' ggatccttcagtcctccctcactttcc (SEQ ID NO: 182)

* f: forward, r: reverse

5 Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

5,00 µL Template cDNA

5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

5,00 µL 2mM dNTP

1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)

10 0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

15 Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

Das PCR Produkt wurde für 2 h bei 37 °C mit den Restriktionsenzymen HindIII und BamHI inkubiert. Der Hefe-Expressionsvektor pYES3 (Invitrogen) wurde in gleicher-

weise inkubiert. Anschliessend wurde das 812 bp bzw. 905 bp große PCR Produkt

20 sowie der Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolge mittels Qiagen

Gel purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschliessend wurden Vektor und

Elongase cDNA ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet.

Die entstandenen Plasmide pYES3-OmELO2 und pYES3-OmELO3 wurden durch

25 Sequenzierung verifiziert und in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch

Elektroporation (1500 V) transformiert. Zur Kontrolle wurde pYES3 parallel transfor-

miert. Anschliessend wurden die Hefen auf Komplett-Minimalmedium ohne Tryptophan

mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die auf ohne Tryptophan im Medium wachstums-

fähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES3, pYES3-OmELO2

30 (SEQ ID NO: 51) und pYES3-OmELO3 (SEQ ID NO: 53). Nach der Selektion wurden

je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

Beispiel 5: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

Für die Transformation von Pflanzen wurde ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wurde mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende des kodierenden Sequenz eingefügt:

PSUN-OmELO2

Forward: 5'-GCGGCCGCATAATGGCTTCAACATGGCAA (SEQ ID NO: 175)

Reverse: 3'-GCGGCCGCTTATGTCTTCTTGCTCTTCCTGTT (SEQ ID NO: 176)

PSUN-OMELO3

10 Forward: 5'-GCGGCCGCataatggagacttttaaat (SEQ ID NO: 177)

Reverse: 3'-GCGGCCGctcagtcctccctcactttcc (SEQ ID NO: 178)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

5,00 µL Template cDNA

15 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

5,00 µL 2mM dNTP

1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)

0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

20 Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

25 Die PCR Produkte wurden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wurde in gleicherweise inkubiert. Anschliessend wurde die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolge mittels Qiagen Gel purification Kit
30 gemäss Herstellerangaben. Anschliessend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide pSUN-OmELO2 und pSUN-OmELO3 wurde durch Sequenzierung verifiziert.

pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des Octopinsynthase-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and

transcript map of the *Agrobacterium tumefaciens* Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982) Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1-684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das

5 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standard-primer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert. (Primersequenz: 5'-GTCTGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 174). Das PCR-Fragment wurde mit

10 EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

Beispiel 6: Lipidextraktion aus Hefen und Samen:

Die Auswirkung der genetischen Modifikation in Pflanzen, Pilzen, Algen, Ciliaten oder

15 auf die Produktion einer gewünschten Verbindung (wie einer Fettsäure) kann bestimmt werden, indem die modifizierten Mikroorganismen oder die modifizierte Pflanze unter geeigneten Bedingungen (wie den vorstehend beschriebenen) gezüchtet werden und das Medium und/oder die zellulären Komponenten auf die erhöhte Produktion des gewünschten Produktes (d.h. von Lipiden oder einer Fettsäure) untersucht wird. Diese

20 Analysetechniken sind dem Fachmann bekannt und umfassen Spektroskopie, Dünnschichtchromatographie, Färbverfahren verschiedener Art, enzymatische und mikrobiologische Verfahren sowie analytische Chromatographie, wie Hochleistungs-Flüssigkeitschromatographie (siehe beispielsweise Ullman, Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. A2, S. 89-90 und S. 443-613, VCH: Weinheim (1985); Fallon, A., et al.,

25 (1987) "Applications of HPLC in Biochemistry" in: Laboratory Techniques in Biochemistry and Molecular Biology, Bd. 17; Rehm et al. (1993) Biotechnology, Bd. 3, Kapitel III: "Product recovery and purification", S. 469-714, VCH: Weinheim; Belter, P.A., et al. (1988) Bioseparations: downstream processing for Biotechnology, John Wiley and Sons; Kennedy, J.F., und Cabral, J.M.S. (1992) Recovery processes for biological

30 Materials, John Wiley and Sons; Shaeiwitz, J.A., und Henry, J.D. (1988) Biochemical Separations, in: Ullmann's Encyclopedia of Industrial Chemistry, Bd. B3; Kapitel 11, S. 1-27, VCH: Weinheim; und Dechow, F.J. (1989) Separation and purification techniques in biotechnology, Noyes Publications).

Neben den oben erwähnten Verfahren werden Pflanzenlipide aus Pflanzenmaterial wie

35 von Cahoon et al. (1999) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 96 (22):12935-12940, und Browse et al. (1986) Analytic Biochemistry 152:141-145, beschrieben extrahiert. Die qualitative und quantitative Lipid- oder Fettsäureanalyse ist beschrieben bei Christie, William W., Advances in Lipid Methodology, Ayr/Scotland: Oily Press (Oily Press Lipid Library; 2); Christie, William W., Gas Chromatography and Lipids. A Practical Guide - Ayr,

40 Scotland: Oily Press, 1989, Repr. 1992, IX, 307 S. (Oily Press Lipid Library; 1); "Progress in Lipid Research, Oxford: Pergamon Press, 1 (1952) - 16 (1977) u.d.T.: Progress in the Chemistry of Fats and Other Lipids CODEN.

Zusätzlich zur Messung des Endproduktes der Fermentation ist es auch möglich, andere Komponenten der Stoffwechselwege zu analysieren, die zur Produktion der gewünschten Verbindung verwendet werden, wie Zwischen- und Nebenprodukte, um die Gesamteffizienz der Produktion der Verbindung zu bestimmen. Die Analyseverfahren umfassen Messungen der Nährstoffmengen im Medium (z.B. Zucker, Kohlenwasserstoffe, Stickstoffquellen, Phosphat und andere Ionen), Messungen der Biomassezusammensetzung und des Wachstums, Analyse der Produktion üblicher Metabolite von Biosynthesewegen und Messungen von Gasen, die während der Fermentation erzeugt werden. Standardverfahren für diese Messungen sind in Applied Microbial Physiology; A Practical Approach, P.M. Rhodes und P.F. Stanbury, Hrsgb., IRL Press, S. 103-129; 131-163 und 165-192 (ISBN: 0199635773) und darin angegebenen Literaturstellen beschrieben.

Ein Beispiel ist die Analyse von Fettsäuren (Abkürzungen: FAME, Fettsäuremethylester; GC-MS, Gas-Flüssigkeitschromatographie-Massenspektrometrie; TAG, Triacylglycerin; TLC, Dünnschichtchromatographie).

Der unzweideutige Nachweis für das Vorliegen von Fettsäureprodukten kann mittels Analyse rekombinanter Organismen nach Standard-Analyseverfahren erhalten werden: GC, GC-MS oder TLC, wie verschiedentlich beschrieben von Christie und den Literaturstellen darin (1997, in: Advances on Lipid Methodology, Vierte Aufl.: Christie, Oily Press, Dundee, 119-169; 1998, Gaschromatographie-Massenspektrometrie-Verfahren, Lipide 33:343-353).

Das zu analysierende Material kann durch Ultraschallbehandlung, Mahlen in der Glasmühle, flüssigen Stickstoff und Mahlen oder über andere anwendbare Verfahren aufgebrochen werden. Das Material muss nach dem Aufbrechen zentrifugiert werden. Das Sediment wird in Aqua dest. resuspendiert, 10 min bei 100°C erhitzt, auf Eis abgekühlt und erneut zentrifugiert, gefolgt von Extraktion in 0,5 M Schwefelsäure in Methanol mit 2 % Dimethoxypropan für 1 Std. bei 90°C, was zu hydrolysierten Öl- und Lipidverbindungen führt, die transmethylierte Lipide ergeben. Diese Fettsäuremethylester werden in Petrolether extrahiert und schließlich einer GC-Analyse unter Verwendung einer Kapillarsäule (Chrompack, WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 Mikrom, 0,32 mm) bei einem Temperaturgradienten zwischen 170°C und 240°C für 20 min und 5 min bei 240°C unterworfen. Die Identität der erhaltenen Fettsäuremethylester muss unter Verwendung von Standards, die aus kommerziellen Quellen erhältlich sind (d.h. Sigma), definiert werden.

Pflanzenmaterial wird zunächst mechanisch durch Mörsern homogenisiert, um es einer Extraktion zugänglicher zu machen.

Dann wird 10 min auf 100°C erhitzt und nach dem Abkühlen auf Eis erneut sedimentiert. Das Zellsediment wird mit 1 M methanolischer Schwefelsäure und 2 % Dimethoxypropan 1h bei 90°C hydrolysiert und die Lipide transmethyliert. Die resultierenden Fettsäuremethylester (FAME) werden in Petrolether extrahiert. Die extrahierten FAME werden durch Gasflüssigkeitschromatographie mit einer Kapillarsäule (Chrompack,

WCOT Fused Silica, CP-Wax-52 CB, 25 m, 0,32 mm) und einem Temperaturgradienten von 170°C auf 240°C in 20 min und 5 min bei 240°C analysiert. Die Identität der Fettsäuremethylester wird durch Vergleich mit entsprechenden FAME-Standards (Sigma) bestätigt. Die Identität und die Position der Doppelbindung kann durch
 5 geeignete chemische Derivatisierung der FAME-Gemische z.B. zu 4,4-Dimethoxyoxazolin-Derivaten (Christie, 1998) mittels GC-MS weiter analysiert werden.

Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES3, pYES3-OmELO2 und pYES3-OmELO3 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 10 min,
 10 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanololyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei
 15 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-
 20 Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma).

25 Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 7: Funktionelle Charakterisierung von OmELO2 und OmELO3:

30 OmELO2 zeigt keine Elongase-Aktivität, während für OmELO3 eine deutliche Aktivität mit verschiedenen Substraten nachgewiesen werden konnte. Die Substratspezifität der OmELO3 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Figur 2). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Alle transgene Hefen zeigen die Synthese neuer Fettsäuren, den
 35 Produkten der OmELO3-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen OmELO3 funktional exprimiert werden konnte.

Figur 2 zeigt, dass die OmELO3 eine Substratspezifität aufweist, die mit hoher Spezifität zur Verlängerung von Δ5- und Δ6-Fettsäuren mit einer ω3-Doppelbindung führt. Es konnte in geringerer Spezifität des weiteren auch ω6-Fettsäuren (C18 und C20)

elongiert werden. Stearidonsäure (C18:4 ω 3) und Eicosapentaensäure (C20:5 ω 3) stellen die besten Substrate für die OmElo3 dar (bis zu 66 % Elongation).

Beispiel 8: Rekonstitution der Synthese von DHA in Hefe

Die Rekonstitution der Biosynthese von DHA (22:6 ω 3) wurde ausgehend von EPA (20:5 ω 3) bzw. Stearidonsäure (18:4 ω 3) durch die Coexpression der OmElo3 mit der Δ -4-Desaturase aus *Euglena gracilis* bzw. der Δ -5-Desaturase aus *Phaeodactylum tricornutum* und der Δ -4-Desaturase aus *Euglena gracilis* durchgeführt. Dazu wurden weiterhin die Expressionsvektoren pYes2-EgD4 und pESCLeu-PtD5 konstruiert. Der o.g. Hefestamm, der bereits mit dem pYes3-OmElo3 (SEQ ID NO: 55) transformiert ist, wurde weiter mit dem pYes2-EgD4 bzw. gleichzeitig mit pYes2-EgD4 und pESCLeu-PtD5 transformiert. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplett-Minimalmedium-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Tryptophan und Uracil im Falle des pYes3-OmElo3/pYes2-EgD4-Stammes und ohne Tryptophan, Uracil und Leucin im Falle des pYes3-OmElo3/pYes2-EgD4+pESCLeu-PtD5-Stammes. Die Expression wurde wie oben angegeben durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 120 h bei 15°C inkubiert.

Figur 3 zeigt die Fettsäureprofile von transgenen Hefen, die mit 20:5 ω 3 gefüttert wurden. In der Kontroll-Hefe (A), die mit dem pYes3-OmElo3-Vektor und dem leeren Vektor pYes2 transformiert wurden, wurde 20:5 ω 3 sehr effizient zu 22:5 ω 3 elongiert (65% Elongation). Die zusätzliche Einführung der Eg Δ -4-Desaturase führte zu der Umsetzung von 22:5 ω 3 zu 22:6 ω 3 (DHA). Die Fettsäure-Zusammensetzung der transgenen Hefen ist in Figure 5 wiedergegeben. Nach der Co-Expression von OmElo3 und EgD4 konnte bis zu 3% DHA in Hefen nachgewiesen werden.

In einem weiteren Co-Expressionsexperiment wurden OmElo3, EgD4 und eine Δ 5-Desaturase aus *P. tricornutum* (PtD5) zusammen exprimiert. Die transgenen Hefen wurden mit Stearidonsäure (18:4 ω 3) gefüttert und analysiert (Figur 4). Die Fettsäure-Zusammensetzung dieser Hefen ist in Figur 5 aufgeführt. Durch OmElo3 wurde die gefütterte Fettsäure 18:4 ω 3 zu 20:4 ω 3 elongiert (60% Elongation). Letztere wurde durch die PtD5 zu 20:5 ω 3 desaturiert. Die Aktivität der PtD5 betrug 15%. 20:5 ω 3 konnte weiterhin durch die OmElo3 zu 22:5 ω 3 elongiert werden. Im Anschluß wurde die neu synthetisierte 22:5 ω 3 zu 22:6 ω 3 (DHA) desaturiert. In diesen Experimenten konnte bis zu 0,7% DHA erzielt werden.

Aus diesen Experimenten geht hervor, dass die in dieser Erfindung verwendeten Sequenzen OmElo3, EgD4 und PtD5 für die Produktion von DHA in eukaryotischen Zellen geeignet sind.

Beispiel 9: Erzeugung von transgenen Pflanzen

a) Erzeugung transgener Rapspflanzen (verändert nach Moloney et al., 1992, Plant Cell Reports, 8:238-242)

5 Zur Erzeugung transgener Rapspflanzen können binäre Vektoren in *Agrobacterium tumefaciens* C58C1:pGV2260 oder *Escherichia coli* genutzt (Deblaere et al, 1984, Nucl. Acids. Res. 13, 4777-4788). Zur Transformation von Rapspflanzen (Var. Drakkar, NPZ Nordeutsche Pflanzenzucht, Hohenlieth, Deutschland), wird eine 1:50 Verdünnung einer Übernachtskultur einer positiv transformierten Agrobakterienkolonie in Murashige-Skoog Medium (Murashige und Skoog 1962 Physiol. Plant. 15, 473) mit
10 3 % Saccharose (3MS-Medium) benutzt. Petiolen oder Hypokotyledonen frisch gekeimter steriler Rapspflanzen (zu je ca. 1 cm²) werden in einer Petrischale mit einer 1:50 Agrobakterienverdünnung für 5-10 Minuten inkubiert. Es folgt eine 3-tägige Coinkubation in Dunkelheit bei 25°C auf 3MS-Medium mit 0,8 % Bacto-Agar. Die Kultivierung wird nach 3 Tagen mit 16 Stunden Licht / 8 Stunden Dunkelheit weiterge-
15 führt und in wöchentlichem Rhythmus auf MS-Medium mit 500 mg/l Claforan (Cefotaxime-Natrium), 50 mg/l Kanamycin, 20 µM Benzylaminopurin (BAP) und 1,6 g/l Glukose weitergeführt. Wachsende Sprosse werden auf MS-Medium mit 2 % Saccharose, 250 mg/l Claforan und 0,8 % Bacto-Agar überführt. Bilden sich nach drei Wochen keine Wurzeln, so wurde als Wachstumshormon 2-Indolbuttersäure zum
20 Bewurzeln zum Medium gegeben.

Regenerierte Sprosse werden auf 2MS-Medium mit Kanamycin und Claforan erhalten, nach Bewurzelung in Erde überführt und nach Kultivierung für zwei Wochen in einer Klimakammer oder im Gewächshaus angezogen, zur Blüte gebracht, reife Samen geerntet und auf Elongase-Expression wie Δ -5-Elongase- oder Δ -6-Elongaseaktivität
25 oder ω -3-Desaturaseaktivität mittels Lipidanalysen untersucht. Linien mit erhöhten Gehalten an C20- und C22 mehrfachungesättigten Fettsäuren können so identifiziert werden.

b) Herstellung von transgenen Leinpflanzen

30 Die Herstellung von transgenen Leinpflanzen können zum Beispiel nach der Methode von Bell et al., 1999, In Vitro Cell. Dev. Biol.-Plant. 35(6):456-465 mittels particle bombardment erzeugt werden. In der Regel wurde eine Agrobakterien-vermittelte Transformation zum Beispiel nach Mlynarova et al. (1994), Plant Cell Report 13: 282-285 zur Leintransformation verwendet.

35 Beispiel 10: Klonierung von Δ 5-Elongase-Genen aus *Thraustochytrium aureum* ATCC34304 und *Thraustochytrium* ssp.

Durch Vergleiche der verschiedenen in dieser Anmeldung gefundenen Elongase-Proteinsequenzen konnten konservierte Nukleinsäurebereiche definiert werden (Histidin-Box: His-Val-X-His-His, Tyrosin-Box: Met-Tyr-X-Tyr-Tyr). Mit Hilfe dieser Sequenzen wurde eine EST-Datenbank von *T. aureum* ATCC34304 und *Thrausto-*

chytrium ssp. nach weiteren Δ -5-Elongasen durchsucht. Folgende neue Sequenzen konnten gefunden werden:

Gen-Name	Nukleotide	Aminosäuren
BioTaurELO1	828 bp	275
TL16y2	831	276

- 5 Gesamt-RNA von *T. aureum* ATCC34304 und *Thraustochytrium* ssp. wurde mit Hilfe des RNAeasy Kits der Firma Qiagen (Valencia, CA, US) isoliert. Aus der Gesamt-RNA wurde mit Hilfe des PolyATract Isolierungssystems (Promega) mRNA isoliert. Die mRNA wurde mit dem Marathon cDNA Amplification-Kit (BD Biosciences) reverse transkribiert und entsprechend der Herstellerangaben Adaptoren ligiert. Die cDNA-Bank wurde dann für die PCR zur Klonierung von Expressionsplasmiden mittels 5'- und 3'-RACE (rapid amplification of cDNA ends) verwendet.
- 10 Beispiel 11: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen

Für die Klonierung der Sequenz zur heterologen Expression in Hefen wurden folgende Oligonukleotide für die PCR-Reaktion verwendet:

Primer	Nukleotidsequenz
5' f* BioTaurELO1	5' gacataatgacgagcaacatgag (SEQ ID NO: 170)
3' r* BioTaurELO1	5' cggcttaggccgacttggccttggg (SEQ ID NO: 171)
5'f*TL16y2	5' agacataatggacgtcgctcgagcagcaatg (SEQ ID NO: 172)
3'r*TL16y2	5' ttatagtggtcttctgcttctgggcgcc (SEQ ID NO: 173)

* f: forward, r: reverse

15

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 μ L):

5,00 μ L Template cDNA

5,00 μ L 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

5,00 μ L 2mM dNTP

20

1,25 μ L je Primer (10 pmol/ μ L)

0,50 μ L pfu-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurde eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

25

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte BioTaurELO1 (siehe SEQ ID NO: 65) und TL16y2 (siehe SEQ ID NO: 83) wurde für 30 min bei 21 °C mit dem Hefe-Expressionsvektor pYES2.1-TOPO (Invitrogen) inkubiert gemäss Herstellerangaben. Das PCR-Produkt wird dabei durch einen T-Überhang und Aktivität einer Topoisomerase (Invitrogen) in den Vektor ligiert.

- 5 Nach der Inkubation erfolgte dann die Transformation von E. coli DH5α Zellen. Entsprechende Klone wurden durch PCR identifiziert, die Plasmid-DNA mittels Qiagen DNAeasy-Kit isoliert und durch Sequenzierung verifiziert. Die korrekte Sequenz wurde dann in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch Elektroporation (1500 V) transformiert. Zur Kontrolle wurde der leere Vektor pYES2.1 parallel transformiert.
- 10 Anschließend wurden die Hefen auf Komplett-Minimalmedium ohne Uracil mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die ohne Uracil im Medium wachstumsfähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES2.1, pYES2.1-BioTaurELO1 und pYES2.1-TL16y2. Nach der Selektion wurden je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

15

Beispiel 12: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

20

Für die Transformation von Pflanzen wurde ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wurde mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende des kodierenden Sequenz eingefügt:

PSUN-BioTaurELO1

Forward: 5'-GCGGCCGCATAATGACGAGCAACATGAGC (SEQ ID NO: 166)

25

Reverse: 3'-GCGGCCGCTTAGGCCGACTTGGCCTTGGG (SEQ ID NO: 167)

PSUN-TL16y2

Forward: 5'-GCGGCCGCACCATGGACGTCGTCGAGCAGCAATG (SEQ ID NO: 168)

30

Reverse: 5'-GCGGCCGCTTAGATGGTCTTCTGCTTCTTGGGCGCC
(SEQ ID NO: 169)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

5,00 µL Template cDNA

5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

5,00 µL 2mM dNTP

35

1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)

0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

5 Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte wurden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wurde in gleicherweise inkubiert.

10 Anschliessend wurde die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgte mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschließend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide
15 pSUN-BioTaurELO1 und pSUN-TL16y2 wurden durch Sequenzierung verifiziert.

pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das
20 Polyadenylierungssignal ist das des Octopinsynthase-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982) Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1-684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standard-
25 primer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert. (Primersequenz:
30 5'-GTGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 165). Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von Arabidopsis thaliana, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

35

Die Lipidextraktion aus Hefen und Samen erfolgte identisch zu Beispiel 6.

Beispiel 13: Funktionelle Charakterisierung von BioTaurELO1 und TL16y2:

40 Die Substratspezifität der BioTaurELO1 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Figur 6). Figur 6 zeigt die Fütterungsexperimente zur Bestimmung der Funktionalität und Substratspezifität mit Hefe-

stammen, die entweder den Vektor pYes2.1 (Kontrolle = Control) oder den Vektor pYes2.1-BioTaurELO1 (= BioTaur) mit der Δ -5-Elongase enthalten. In beiden Ansätzen wurde 200 μ M γ -Linolensäure und Eicosapentaensäure dem Hefeinkubationsmedium zugesetzt und 24 h inkubiert. Nach Extraktion der Fettsäuren aus den Hefen wurden diese transmethyliert und gaschromatographisch aufgetrennt. Die aus den beiden gefütterten Fettsäuren entstandenen Elongationsprodukte sind durch Pfeile markiert.

Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Alle transgene Hefen zeigen die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der BioTaurELO1-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen BioTaurELO1 funktional exprimiert werden konnte.

Figur 6 zeigt, dass die BioTaurELO1 eine Substratspezifität aufweist, die mit hoher Spezifität zur Verlängerung von Δ 5- und Δ 6-Fettsäuren mit einer ω 3-Doppelbindung führt. Des weiteren konnten auch ω 6-Fettsäuren (C18 und C20) elongiert werden. Es werden γ -Linolensäure (C18:3 ω 6) mit 65,28 %, Stearidonsäure (C18:4 ω 3) mit 65,66 % und Eicosapentaensäure (C20:5 ω 3) mit 22,01 % Konversion umgesetzt. Die Substratspezifitäten der verschiedenen Fütterungsexperimente sind in Tabelle 3 dargestellt (siehe am Ende der Beschreibung).

Die Konversionsrate von GLA bei Fütterung von GLA und EPA betrug 65,28 %. Die Konversionsrate von EPA bei gleicher Fütterung von GLA und EPA betrug 9,99 %. Wurde nur EPA gefüttert, so betrug die Konversionsrate von EPA 22,01 %. Auch Arachidonsäure (= ARA) wurde bei Fütterung umgesetzt. Die Konversionsrate betrug 14,47 %. Auch Stearidonsäure (= SDA) wurde umgesetzt. In diesem Fall betrug die Konversionsrate 65,66 %.

Die Funktionalität und Substratspezifität von TL16y2 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden. Tabelle 4 zeigt die Fütterungsexperimente. Die Fütterungsversuche wurden in gleicherweise durchgeführt wie für BioTaurELO1 beschrieben. Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der TL16y2-Reaktion (Fig. 11). Dies bedeutet, dass das Gen TL16y2 funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 4: Expression von TL16y2 in Hefe.

Flächen der gaschromatographischen Analyse in %									
Plasmid	Fettsäure	C18:3 (n-6)	C18:4 (n-3)	C20:3 (n-6)	C20:4 (n-6)	C20:4 (n-3)	C20:5 (n-3)	C22:4 (n-6)	C22:5 (n-3)
pYES	250 μ M EPA						13,79		
TL16y2	250 μ M EPA						25,81		2,25
pYES	50 μ M EPA						5,07		
TL16y2	50 μ M EPA						2,48		1,73
pYES	250 μ M GLA	8,31							
TL16y2	250 μ M GLA	3,59		10,71					
pYES	250 μ M ARA				16,03				
TL16y2	250 μ M ARA				15,2		3,87		
pYES	250 μ M SDA		26,79			0,35			
TL16y2	250 μ M SDA		7,74			29,17			

Die in Tabelle 4 wiedergegebenen Ergebnisse zeigen mit TL16y2 gegenüber der Kontrolle folgende prozentuale Umsätze: a) % Umsatz EPA (250 μ M): 8 %, b) % Umsatz EPA (50 μ M): 41 %, c) % Umsatz ARA: 20,3 %, d) % Umsatz SDA: 79, 4% und e) % Umsatz GLA: 74,9 %.

TL16y2 zeigt damit Δ 5-, Δ 6- und Δ 8-Elongaseaktivität. Dabei ist die Aktivität für C18-Fettsäuren mit Δ 6-Doppelbindung am höchsten. Abhängig von der Konzentration an gefütterten Fettsäuren werden dann C20-Fettsäuren mit einer Δ 5- bzw. Δ 8-Doppelbindung verlängert.

Beispiel 14: Klonierung von Genen aus *Ostreococcus tauri*

Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene mit Δ -5-Elongaseaktivität oder Δ -6-Elongaseaktivität konnten zwei Sequenzen mit entsprechenden Motiven in einer *Ostreococcus tauri* Sequenzdatenbank (genomische Sequenzen) identifiziert werden.

Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren
OtELO1, (Δ -5-Elongase)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO2, (Δ -6-Elongase)	SEQ ID NO: 69	292

- 5 OtElo1 weist die höchste Ähnlichkeit zu einer Elongase aus *Danio rerio* auf (GenBank AAN77156; ca. 26 % Identität), während OtElo2 die größte Ähnlichkeit zur *Physcomitrella Elo* (PSE) [ca. 36 % Identität] aufweist (Alignments wurden mit dem tBLASTn-Aalgorithmus (Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 – 410) durchgeführt.

Die Klonierung wurde wie folgt durchgeführt:

- 10 40 ml einer *Ostreococcus tauri* Kultur in der stationären Phase wurden abzentrifugiert und in 100 μ l Aqua bidest resuspendiert und bei -20°C gelagert. Auf der Basis des PCR-Verfahren wurden die zugehörigen genomischen DNAs amplifiziert. Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der OtElo-DNAs wurde jeweils mit 1 μ l aufgetauten Zellen, 200 μ M dNTPs, 2,5 U *Taq*-Polymerase und 100 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt:
- 15 Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Beispiel 15: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen:

- 20 Zur Charakterisierung der Funktion der Elongasen aus *Ostreococcus tauri* wurden die offenen Leserahmen der jeweiligen DNAs stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen) kloniert, wobei pOTE1 und pOTE2 erhalten wurden.

- 25 Der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm 334 wurde durch Elektroporation (1500 V) mit dem Vektor pOTE1 bzw. pOTE2 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem leeren Vektor pYES2 transformiert wurde. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplett-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil. Nach der Selektion wurden je drei Transformanten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

- 30 Für die Expression der Ot-Elongasen wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 5 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose aber ohne Uracil mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C , 200 rpm inkubiert. 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil) mit 2% Raffinose und 300 μ M verschiedener Fettsäuren wurden dann mit den Vorkulturen auf eine OD_{600} von 0,05 angeimpft.

Die Expression wurde durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 96 h bei 20°C inkubiert.

Beispiel 16: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

- 5 Für die Transformation von Pflanzen wurde ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wurden mittels PCR NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenzen eingefügt. Die entsprechenden Primersequenzen wurden von den 5'- und 3-Bereich von OtElo1 und OtElo2 abgeleitet.

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 10 5,00 µL Template cDNA
 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
 5,00 µL 2mM dNTP
 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
 0,50 µL Advantage-Polymerase
- 15 Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.
 Reaktionsbedingungen der PCR:
 Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
 Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
 Elongationstemperatur: 2 min 72°C
- 20 Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte wurden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wurde in gleicherweise inkubiert. Anschliessend wurde die PCR Produkte sowie der Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgte mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschliessend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide pSUN-OtELO1 und pSUN-OtELO2 wurde durch Sequenzierung verifiziert.

- 30 pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des Ostreococcus-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1 bis 684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfrag-

ment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert. (Primersequenz:

5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC

5 GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 164).

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

10 Beispiel 17: Expression von OtELO1 und OtELO2 in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 15 mit den Plasmiden pYES3, pYES3-OtELO1 und pYES3-OtELO2 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 18: Funktionelle Charakterisierung von OtELO1 und OtELO2:

Die Substratspezifität der OtELO1 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Tab.5). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der OtELO1-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen OtELO1 funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 4 zeigt, dass die OtElo1 eine enge Substratspezifität aufweist. Die OtElo1 konnte nur die C20-Fettsäuren Eicosapentaensäure (Figur 7) und Arachidonsäure (Figur 8) elongieren, bevorzugte aber die ω -3-desaturierte Eicosapentaensäure.

Tabelle 5:

Fettsäuresubstrat	Umsatz (in %)
16:0	-
16:1 ^{Δ9}	-
18:0	-
18:1 ^{Δ9}	-
18:1 ^{Δ11}	-
18:2 ^{Δ9,12}	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-
18:3 ^{Δ5,9,12}	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	10,8 ± 0,6
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	46,8 ± 3,6
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-

5

Tabelle 5 zeigt die Substratspezifität der Elongase OtElo1 für C20 polyungesättigte Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ 5 Position gegenüber verschiedenen Fettsäuren.

10 Die Hefen, die mit dem Vektor pOTE1 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert (n=3) ± Standardabweichung wieder.

Die Substratspezifität der OtElo2 (SEQ ID NO: 81) konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Tab. 6). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der OtElo2-Reaktion.

- 5 Dies bedeutet, dass das Gen OtElo2 funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 6:

Fettsäuresubstrat	Umsatz (in %)
16:0	-
16:1 ^{Δ9}	-
16:3 ^{Δ7,10,13}	-
18:0	-
18:1 ^{Δ6}	-
18:1 ^{Δ9}	-
18:1 ^{Δ11}	-
18:2 ^{Δ9,12}	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	15,3±
18:3 ^{Δ5,9,12}	-
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	21,1±
20:2 ^{Δ11,14}	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	-
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-

Tabelle 6 zeigt die Substratspezifität der Elongase OtElo2 gegenüber verschiedenen Fettsäuren.

- 10 Die Hefen, die mit dem Vektor pOTE2 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert (n=3) ± Standardabweichung wieder.

Die enzymatische Aktivität, die in Tabelle 6 wiedergegeben wird, zeigt klar, dass OTELO2 eine Δ -6-Elongase ist.

Beispiel 19: Klonierung von Genen aus *Thalassiosira pseudonana*

- 5 Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene mit Δ -5-Elongaseaktivität oder Δ -6-Elongaseaktivität konnten zwei Sequenzen mit entsprechenden Motiven in einer *Thalassiosira pseudonana* Sequenzdatenbank (genomische Sequenzen) identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren
TpELO1 (Δ 5-Elongase)	43	358
TpELO2 (Δ 5-Elongase)	59	358
TpELO3 (Δ 6-Elongase)	45	272

- 10 Eine 2 L Kultur von *T. pseudonana* wurde in f/2 Medium (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton for feeding marine invertebrates. In *Culture of Marine Invertebrate Animals* (Eds. Smith, W.L. and Chanley, M.H.), Plenum Press, New York, pp 29–60.) für 14 d (= Tage) bei einer Lichtstärke von 80 E/cm² angezogen. Nach Zentrifugation der Zellen wurde RNA mit Hilfe des RNAeasy Kits der Firma Quiagen (Valencia, CA, US) nach Herstellerangaben isoliert. Die mRNA wurde mit dem Marathon cDNA
- 15 Amplifikation-Kit (BD Biosciences) reverse transkribiert und entsprechend den Herstellerangaben Adaptoren ligiert. Die cDNA-Bank wurde dann für die PCR zur Klonierung von Expressionsplasmiden mittels 5'- und 3'-RACE (rapid amplification of cDNA ends) verwendet.

- 20 Beispiel 20: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in - Hefen

- Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der TpElo-DNAs wurde jeweils mit 1 μ L cDNA, 200 μ M dNTPs, 2,5 U *Advantage*-Polymerase und 100 pmol eines jeden
- 25 Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Für die Klonierung der Sequenz zur heterologen Expression in Hefen wurden folgende Oligonukleotide für die PCR-Reaktion verwendet:

Gen-Name und SEQ ID NO:	Primersequenz
TpELO1 ($\Delta 5$ -Elongase), SEQ ID NO: 59	F: 5'-accatgtgctcaccaccgccgctc (SEQ ID NO: 158) R: 5'-ctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 159)
TpELO2 ($\Delta 5$ -Elongase), SEQ ID NO: 85	F: 5'-accatgtgctcatcaccgccgctc (SEQ ID NO: 160) R: 5'-ctacatggcaccagtaac (SEQ ID NO: 161)
TpELO3 ($\Delta 6$ -Elongase), SEQ ID NO: 45	F: 5'-accatggacgcctacaacgctgc (SEQ ID NO: 162) R: 5'-ctaagcactctctctctt (SEQ ID NO: 163)

*F=forward primer, R=reverse primer

- Die PCR Produkte wurde für 30 min bei 21 °C mit dem Hefe-Expressionsvektor - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) gemäß Herstellerangaben inkubiert. Das PCR-Produkt wird dabei durch einen T-Überhang und Aktivität einer Topoisomerase (Invitrogen) in den Vektor ligiert. Nach der Inkubation erfolgte dann die Transformation von E. coli DH5 α Zellen. Entsprechende Klone wurden durch PCR identifiziert, die Plasmid-DNA mittels Qiagen DNAeasy-Kit isoliert und durch Sequenzierung verifiziert. Die korrekte Sequenz wurde dann in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch Elektroporation (1500 V) transformiert. Zur Kontrolle wurde der leere Vektor pYES2.1 parallel transformiert. Anschließend wurden die Hefen auf Komplett-Minimalmedium ohne Uracil mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die ohne Uracil im Medium wachstumsfähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES2.1, pYES2.1-TpELO1, pYES2.1-TpELO2 und pYES2.1-TpELO3. Nach der Selektion wurden je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

Beispiel 21: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

- Für die Transformation von Pflanzen wird ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wird mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenz eingefügt.

PSUN-TPELO1

Forward: 5'-GCGGCCGCACCATGTGCTCACCACCGCCGTC (SEQ ID NO: 152)

Reverse: 3'-GCGGCCGCCTACATGGCACCAGTAAC (SEQ ID NO: 153)

PSUN-TPELO2

Forward: 5'-GCGGCCGCACCATGTGCTCATCACCGCCGTC (SEQ ID NO: 154)

Reverse: 3'-GCGGCCGCCTACATGGCACCAGTAAC (SEQ ID NO: 155)

PSUN-TPELO3

5 Forward: 5'-GCGGCCGCaccatggagcctacaacgctgc (SEQ ID NO: 156)

Reverse: 3'-GCGGCCGCCTAAGCACTCTTCTTCTTT (SEQ ID NO: 157)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

5,00 µL Template cDNA

5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

10 5,00 µL 2mM dNTP

1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)

0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

15 Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte werden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert.

20 Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wird in gleicherweise inkubiert.

Anschliessend werden die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgt mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschließend werden Vektor und PCR-Produkte ligiert.

25 Dazu wird das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide pSUN-TPELO1, pSUN-TPELO2 und pSUN-TPELO3 werden durch Sequenzierung verifiziert.

pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des Octopinsynthase-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982) Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1-684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment

wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert.

(Primersequenz: 5'-

GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC

5 GGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 151).

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

10 Die Lipidextraktion aus Hefen und Samen erfolgte identisch zu Beispiel 6.

Beispiel 22: Expression von TpELO1, TpELO2 und TpELO3 in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES2, pYES2-TpELO1, pYES2-TpELO2 und pYES2-TpELO3 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

15 Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei
20 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-
25 Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

30 Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

35 Beispiel 23: Funktionelle Charakterisierung von TpELO1 und TpELO3:

Die Substratspezifität der TpELO1 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Fig. 9). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen

in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der TpElo1-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen TpElo1 funktional exprimiert werden konnte.

- 5 Tabelle 7 zeigt, dass die TpElo1 eine enge Substratspezifität aufweist. Die TpElo1 konnte nur die C20-Fettsäuren Eicosapentaensäure und Arachidonsäure elongieren, bevorzugte aber die ω -3-desaturierte Eicosapentaensäure.

- 10 Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-TpELO1 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Tabelle 7: Expression von TpELO1 in Hefe. In den Spalten 1 und 3 sind die Kontrollreaktionen für die Spalten 2 (gefüttert 250 μ M 20:4 Δ 5,8,11,14) und 4 (gefüttert 250 μ M 20:5 Δ 5,8,11,14,17) wiedergegeben.

	Expression	Expression	Expression	Expression
Fettsäuren	1	2	3	4
16:0	18.8	17.8	25.4	25.2
16:1 ^{Δ9}	28.0	29.8	36.6	36.6
18:0	5.2	5.0	6.8	6.9
18:1 ^{Δ9}	25.5	23.6	24.6	23.9
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	22.5	23.4	-	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	0.4	-	-
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-	6.6	6.5
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-	-	-	0.9
% Umsatz	0	1.7	0	12.2

- 15 Die Substratspezifität der TpElo3 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Fig. 10). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der TpElo3-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen TpElo3 funktional exprimiert werden konnte.
- 20 Tabelle 8 zeigt, dass die TpElo3 eine enge Substratspezifität aufweist. Die TpElo3 konnte nur die C18-Fettsäuren γ -Linolensäure und Stearidonsäure elongieren, bevorzugte aber die ω -3-desaturierte Stearidonsäure.

Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-TpELO3 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

- 5 Tabelle 8: Expression von TpELO3 in Hefe. Spalte 1 zeigt das Fettsäureprofil von Hefe ohne Fütterung. Spalte 2 zeigt die Kontrollreaktion. In den Spalten 3 bis 6 wurden γ -Linolensäure, Stearidonsäure, Arachidonsäure und Eicosapentaensäure gefüttert (250 μ M jeder Fettsäure).

Fettsäuren	1	2	3	4	5	6
16:0	17.9	20.6	17.8	16.7	18.8	18.8
16:1 ^{Δ9}	41.7	18.7	27.0	33.2	24.0	31.3
18:0	7.0	7.7	6.4	6.6	5.2	6,0
18:1 ^{Δ9}	33.3	16.8	24.2	31.8	25.5	26.4
18:2 ^{Δ9,12}	-	36.1	-	-	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-	-	6.1	-	-	
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	-	-	-	1.7	-	
20:2 ^{Δ11,14}	-	0	-	-	-	
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-	18.5	-	-	
20:4 ^{Δ8,11,14,17}	-	-	-	10.0	-	
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	-	-	-	-	22.5	
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-	-	-	0	
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-	-	-	-	17.4
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-	-	-	-	-	0
% Umsatz	0	0	75	85	0	0

- 10 Beispiel 24: Klonierung eines Expressionsplasmides zur heterologen Expression der Pi-omega3Des in Hefen

Der Pi-omega3Des Klon wurde für die heterologe Expression in Hefen über PCR mit entsprechenden Pi-omega3Des spezifischen Primern in den Hefe-Expressionsvektor pYES3 kloniert. Dabei wurde ausschließlich der für das Pi-omega3Des Protein

- 15 kodierende offene Leseraster des Gens amplifiziert und mit zwei Schnittstellen für die Klonierung in den pYES3 Expressionsvektor versehen:

Forward Primer: 5'-TAAGCTTACATGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 149)

Reverse Primer: 5'-TGGATCCACTTACGTGGACTTGGT (SEQ ID NO: 150)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 5 5,00 µL Template cDNA
- 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
- 5,00 µL 2mM dNTP
- 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL des 5'-ATG sowie des 3'-Stopp Primers)
- 0,50 µL Advantage-Polymerase
- 10 Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

Elongationstemperatur: 2 min 72°C

- 15 Anzahl der Zyklen: 35

Das PCR Produkt wurde für 2 h bei 37 °C mit den Restriktionsenzymen HindIII und BamHI inkubiert. Der Hefe-Expressionsvektor pYES3 (Invitrogen) wurde in gleicherweise inkubiert. Anschließend wurde das 1104 bp große PCR Produkt sowie der Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-

- 20 Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolge mittels Qiagen Gel purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschließend wurden Vektor und Desaturase-cDNA ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Das entstandene Plasmid pYES3-Pi-omega3Des wurde durch Sequenzierung überprüft und in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch Elektroporation (1500 V)
- 25 transformiert. Zur Kontrolle wurde pYES3 parallel transformiert. Anschliessend wurden die Hefen auf Komplett-Minimalmedium ohne Tryptophan mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die auf ohne Tryptophan im Medium wachstumsfähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES3, pYES3-Pi-omega3Des. Nach der Selektion wurden je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

- 30 Beispiel 25: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

Für die Transformation von Pflanzen wurde ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wurde mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenz eingefügt:

- 35 PSUN-Pi-omega3Des

Reverse: 3'-GCGGCCGCTTACGTGGACTTGGTC (SEQ ID NO: 147)

Forward: 5'-GCGGCCGCatGGCGACGAAGGAGG (SEQ ID NO: 148)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 5,00 µL Template cDNA
 - 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
 - 5 5,00 µL 2mM dNTP
 - 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
 - 0,50 µL Advantage-Polymerase
- Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

- 10 Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
- Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
- Elongationstemperatur: 2 min 72°C
- Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte wurden für 4 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert.

- 15 Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wurde in gleicherweise inkubiert. Anschließend wurde die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolge mittels Qiagen Gel purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschliessend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert.
- 20 Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Das entstandene Plasmid pSUN-Piomega3Des wurde durch Sequenzierung verifiziert.

Beispiel 26: Expression von Pi-omega3Des in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 24 mit dem Plasmid pYES3 oder pYES3- Pi-omega3Des transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

- 25 Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei
- 30 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-
- 35 Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-

Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

- Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

10 Beispiel 27: Funktionelle Charakterisierung von Pi-omega3Des:

Die Substratspezifität der Pi-omega3Des konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Figur 12 bis 18). Die gefütterten Substrate liegen in großen Mengen in allen transgenen Hefen vor, wodurch die Aufnahme dieser Fettsäuren in die Hefen bewiesen ist. Die transgenen Hefen zeigen die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der Pi-omega3Des-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen Pi-omega3Des funktional exprimiert werden konnte.

- Figur 12 gibt die Desaturierung von Linolsäure (18:2 ω -6-Fettsäure) zu α -Linolensäure (18:3 ω -3-Fettsäure) durch die Pi-omega3Des wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 12 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 12 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von C18:2^{A9,12}-Fettsäure (300 μ M) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

In Figur 13 ist die Desaturierung von γ -Linolensäure (18:3 ω -6-Fettsäure) zu Stearidonsäure (18:4 ω -3-Fettsäure) durch Pi-omega3Des wiedergegeben.

- Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 13 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 13 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von γ -C18:3^{A6,9,12}-Fettsäure (300 μ M) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

- Figur 14 gibt die Desaturierung von C20:2- ω -6-Fettsäure zu C20:3- ω -3-Fettsäure durch Pi-omega3Des wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 14 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 14 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von C20:2^{A11,14}-Fettsäure (300 μ M) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Figur 15 gibt die Desaturierung von C20:3- ω -6-Fettsäure zu C20:4- ω -3-Fettsäure durch Pi-omega3Des wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch

saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 15 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 15 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von C20:3^{Δ8,11,14}-Fettsäure (300 μM) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

- 5 In Figur 16 wird die Desaturierung von Arachidonsäure (C20:4-ω-6-Fettsäure) zu Eicosapentaensäure (C20:5-ω-3-Fettsäure) durch die Pi-omega3Des gezeigt.

Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 16 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 16 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von C20:4^{Δ5,8,11,14}-Fettsäure (300 μM) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Figur 17 gibt die Desaturierung von Docosatetraensäure (C22:4-ω-6-Fettsäure) zu Docosapentaensäure (C22:5-ω-3-Fettsäure) durch Pi-omega3Des wieder. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen, die mit dem Leervektor pYES2 (Figur 17 A) oder dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des (Figur 17 B) transformiert worden waren. Die Hefen wurden in Minimalmedium in Gegenwart von C22:4^{Δ7,10,13,16}-Fettsäure (300 μM) kultiviert. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Die Substratspezifität der Pi-omega3Des gegenüber verschiedenen Fettsäuren ist Figur 18 zu entnehmen. Die Hefen, die mit dem Vektor pYes3-Pi-omega3Des transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert. Jeder Wert gibt einen Mittelwert aus drei Messungen wieder. Die Umsetzungsraten (% Desaturation) wurden mit der Formel:

$$[\text{Produkt}]/([\text{Produkt}]+[\text{Substrat}])*100 \text{ errechnet.}$$

Wie unter Beispiel 9 beschrieben kann auch die Pi-omega3Des zur Erzeugung transgener Pflanzen verwendet werden. Aus den Samen dieser Pflanzen kann dann die Lipidextraktion wie unter Beispiel 6 beschrieben erfolgen.

30 Beispiel 28: Klonierung von Desaturasegenen aus *Ostreococcus tauri*

Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe von konservierten Motiven (His-Boxen, Domergue et al. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113) konnten fünf Sequenzen mit entsprechenden Motiven in einer *Ostreococcus tauri* Sequenzdatenbank (genomische Sequenzen) identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren	Homologie
OtD4	SEQ ID NO: 95	536	Δ -4-Desaturase
OtD5.1	SEQ ID NO: 91	201	Δ -5-Desaturase
OtD5.2	SEQ ID NO: 93	237	Δ -5-Desaturase
OtD6.1	SEQ ID NO: 89	456	Δ -6-Desaturase
OtFad2	SEQ ID NO: 107	361	Δ -12-Desaturase

Die Alignments zur Auffindung von Homologien der einzelnen Gene wurden mit dem tBLASTn-Aalgorithmus (Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 – 410) durchgeführt.

5 Die Klonierung erfolgte wie folgt:

- 40 ml einer *Ostreococcus tauri* Kultur in der stationären Phase wurden abzentrifugiert und in 100 μ l Aqua bidest resuspendiert und bei -20°C gelagert. Auf der Basis des PCR-Verfahren wurden die zugehörigen genomischen DNAs amplifiziert. Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon
- 10 trugen. Die Amplifizierung der OtDes-DNAs wurde jeweils mit 1 μ l aufgetauten Zellen, 200 μM dNTPs, 2,5 U *Taq*-Polymerase und 100 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30
- 15 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Folgende Primer wurden für die PCR eingesetzt:

OtDes6.1 Forward: 5'ggtaccacataatgtgcgtggagacggaaaataacg3' (SEQ ID NO: 145)

OtDes6.1 Reverse: 5'ctcgagttacgccgtcttccggagtgttgcc3' (SEQ ID NO: 146)

- 20 Beispiel: 29 Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen:

- Zur Charakterisierung der Funktion der Desaturase OtDes6.1 (= Δ -6-Desaturase) aus *Ostreococcus tauri* wurde der offene Leserahmen der DNA stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen)
- 25 kloniert, wobei der entsprechenden pYES2.1-OtDes6.1 Klon erhalten wurde. In entsprechender Art und Weise können weitere Desaturase-Gene aus *Ostreococcus* kloniert werden.

Der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm 334 wurde durch Elektroporation (1500 V) mit dem Vektor pYES2.1-OtDes6.1 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem leeren Vektor pYES2 transformiert wurde. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplett-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2%

- 5 Glucose, aber ohne Uracil. Nach der Selektion wurden je drei Transformanten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

Für die Expression der OtDes6.1 Desaturase wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 5 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose aber ohne Uracil mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200 rpm inkubiert.

- 10 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil) mit 2% Raffinose und 300 µM verschiedener Fettsäuren wurden dann mit den Vorkulturen auf eine OD₆₀₀ von 0,05 angeimpft. Die Expression wurde durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 96 h bei 20°C inkubiert.

- 15 Beispiel: 30 Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

Für die Transformation von Pflanzen wird ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu werden mittels PCR NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenzen eingefügt. Die entsprechenden Primersequenzen werden von den 5'- und 3-Bereich der Desaturasen abgeleitet.

- 20 Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

5,00 µL Template cDNA

5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂

5,00 µL 2mM dNTP

1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)

- 25 0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C

Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C

- 30 Elongationstemperatur: 2 min 72°C

Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte werden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert.

Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wird in gleicherweise inkubiert.

Anschliessend werden die PCR Produkte sowie der Vektor durch Agarose-

Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgt mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschliessend werden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide werden durch Sequenzierung verifiziert.

pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. *Plant Mol Biol* 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des *Ostreococcus*-Gens aus dem *A. tumefaciens* Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the *Agrobacterium tumefaciens* Ti plasmid-encoded octopine synthase gene *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (6), 499-511 (1982). Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1 bis 684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert. (Primersequenz: 5'-

GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA-3', SEQ ID NO: 144).

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

Beispiel: 31 Expression von OtDes6.1 in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES2 und pYES2-OtDes6.2 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschliessend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-

Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

- 5 Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel: 32 Funktionelle Charakterisierung von Desaturasen aus *Ostreococcus*:

- Die Substratspezifität von Desaturasen kann nach Expression in Hefe (siehe Beispiele Klonierung von Desaturase-Genen, Hefeexpression) durch die Fütterung mittels verschiedener Hefen ermittelt werden. Beschreibungen für die Bestimmung der einzelnen Aktivitäten finden sich in WO 93/11245 für $\Delta 15$ -Desaturasen, WO 94/11516 für $\Delta 12$ -Desaturasen, WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022, WO0021557 und WO 99/27111 für $\Delta 6$ -Desaturasen, Qiu et al. 2001, *J. Biol. Chem.* 276, 31561-31566 für $\Delta 4$ -Desaturasen, Hong et al. 2002, *Lipids* 37,863-868 für $\Delta 5$ -Desaturasen.
- 20 Tabelle 9 gibt die Substratspezifität der Desaturase OtDes6.1 gegenüber verschiedenen Fettsäuren wieder. Die Substratspezifität der OtDes6.1 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden. Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der OtDes6.2-Reaktion
- 25 (Fig. 20). Dies bedeutet, dass das Gen OtDes6.1 funktional exprimiert werden konnte.
- Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-OtDes6.1 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert ($n=3$) \pm
- 30 Standardabweichung wieder. Die Aktivität entspricht der Konversionsrate errechnet nach $[\text{Substrat}/(\text{Substrat}+\text{Produkt}) \cdot 100]$.

Tabelle 9 zeigt, dass die OtDes6.1 eine Substratspezifität für Linol- und Linolensäure (18:2 und 18:3) aufweist, da mit diesen Fettsäuren die höchsten Aktivitäten erreicht werden. Die Aktivität für Ölsäure (18:1) und Palmitoleinsäure (16:1) ist dagegen deutlich geringer. Die bevorzugte Umsetzung von Linol- und Linolensäure zeigt die

5 Eignung dieser Desaturase für die Herstellung von polyungesättigten Fettsäuren.

Substrate	Aktivität in %
16:1 ^{Δ9}	5,6
18:1 ^{Δ9}	13,1
18:2 ^{Δ9,12}	68,7
18:3 ^{Δ9,12,15}	64,6

Figur 20 zeigt die Umsetzung von Linolsäure durch OtDes6.1. Die Analyse der FAMES erfolgte über Gaschromatographie. Das gefütterte Substrat (C18:2) wird zu γ -C18:3 umgesetzt. Sowohl Edukt als auch das entstandene Produkt sind durch Pfeile markiert.

- 10 In Figur 21 wird die Umsetzung von Linolsäure (= LA) und α -Linolensäure (= ALA) in Gegenwart von OtDes6.1 zu γ -Linolensäure (= GLA) bzw. Stearidonsäure (= STA) wiedergegeben (Figur 21 A und C). Weiterhin zeigt Figur 21 die Umsetzung von Linolsäure (= LA) und α -Linolensäure (= ALA) in Gegenwart der Δ -6-Desaturase OtDes6.1 zusammen mit der Δ -6-Elongase PSE1 aus *Physcomitrella patens* (Zank et
- 15 al. 2002, Plant J. 31:255-268) und der Δ -5-Desaturase PtD5 aus *Phaeodactylum tricornutum* (Domergue et al. 2002, Eur. J. Biochem. 269, 4105-4113) zu Dihomo- γ -linolensäure (= DHGLA) und Arachidonsäure (= ARA, Figur 21 B) bzw. zu Dihomostearidonsäure (= DHSTA) bzw. Eicosapentaensäure (= EPA, Figur 21 D). Figur 21 zeigt deutlich, dass die Reaktionsprodukte GLA und STA der Δ -6-Desaturase OtDes6.1 in
- 20 Gegenwart der Δ -6-Elongase PSE1 fast quantitativ zu DHGLA bzw. DHSTA elongiert wird. Die nachfolgende Desaturierung durch die Δ -5-Desaturase PtD5 erfolgt ebenfalls reibungslos zu ARA bzw. EPA. Es werden ca. 25 – 30% des Elongaseprodukts desaturiert (Figur 21 B und D).

Die folgenden Tabelle 10 gibt eine Übersicht über die klonierten *Ostreococcus* Desaturasen wieder:

<u>Ostreococcus tauri Desaturasen</u>							
Name	bp	aa	Homologie	Cyt. B5	His-Box1	His-Box2	His-Box3
OtD4	1611	536	Δ -4- Desaturase	HPGG	HCANH	WRYHHQVSHH	QVEHHLFP
OtD5.1	606	201	Δ -5- Desaturase	-	-	-	QVVHHLFP
OtD5.2	714	237	Δ -5- Desaturase	-	-	WRYHHMVSHH	QIEHHLFP
OtD6.1	1443	480	Δ -6- Desaturase	HPGG	HEGGH	WNSMHNKHH	QVIHHLFP
OtFAD2	1086	361	Δ -12- Desaturase	-	HECGH	WQRSHAVHH	HVAHH

Beispiel : 33 Klonierung von Desaturasegenen aus *Thalassiosira pseudonana*

- 5 Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe von konservierten Motiven (His-Boxen, siehe Motive) konnten sechs Sequenzen mit entsprechenden Motiven in einer *Thalassiosira pseudonana* Sequenzdatenbank (genomische Sequenzen) identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren	Homologie
TpD4	SEQ ID NO: 103	503	Δ -4-Desaturase
TpD5-1	SEQ ID NO: 99	476	Δ -5-Desaturase
TpD5-2	SEQ ID NO: 101	482	Δ -5-Desaturase
TpD6	SEQ ID NO: 97	484	Δ -6-Desaturase
TpFAD2	SEQ ID NO: 109	434	Δ -12-Desaturase
TpO3	SEQ ID NO: 105	418	ω -3-Desaturase

10

Die Klonierung erfolgte wie folgt:

40 ml einer *Thalassiosira pseudonana* Kultur in der stationären Phase wurden abzentrifugiert und in 100 μ l Aqua bidest resuspendiert und bei -20°C gelagert. Auf der Basis des PCR-Verfahren wurden die zugehörigen genomischen DNAs amplifiziert. Die

entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der TpDes-DNAs wurde jeweils mit 1 µl aufgetauten Zellen, 200 µM dNTPs, 2,5 U *Taq*-Polymerase und 100 pmol eines jeden
5 Primers in einem Gesamtvolumen von 50 µl durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Beispiel: 34 Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in
10 Hefen:

Zur Charakterisierung der Funktion der Desaturasen aus *Thalassiosira pseudonana* wird der offene Leserahmen der jeweiligen DNA stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen) kloniert, wobei der entsprechenden pYES2.1-Klone erhalten werden.

15 Der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm 334 wird durch Elektroporation (1500 V) mit den Vektoren pYES2.1-TpDesaturasen transformiert. Als Kontrolle wird eine Hefe verwendet, die mit dem leeren Vektor pYES2 transformiert wird. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgt auf Komplet-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil. Nach der Selektion werden je drei Transformanten zur
20 weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

Für die Expression der Tp-Desaturasen werden zunächst Vorkulturen aus jeweils 5 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose aber ohne Uracil mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200 rpm inkubiert.

25 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil) mit 2% Raffinose und 300 µM verschiedener Fettsäuren werden dann mit den Vorkulturen auf eine OD₆₀₀ von 0,05 angeimpft. Die Expression wird durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen werden für weitere 96 h bei 20°C inkubiert.

Beispiel: 35 Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen
Expression in Pflanzen

30 Für die Transformation von Pflanzen wird ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu werden mittels PCR NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenzen eingefügt. Die entsprechenden Primersequenzen werden von den 5'- und 3-Bereich der Desaturasen abgeleitet.

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 5,00 µL Template cDNA
- 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
- 5,00 µL 2mM dNTP
- 5 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
- 0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

- Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
- 10 Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
- Elongationstemperatur: 2 min 72°C
- Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte werden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wird in gleicherweise inkubiert.

- 15 Anschliessend werden die PCR Produkte sowie der Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgt mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschliessend werden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide
- 20 werden durch Sequenzierung verifiziert.

- pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des OCS-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden
- 25
 - 30 1 bis 684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert. (Primersequenz: 5'-
 - 35 GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 143)

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

5 Beispiel: 36 Expression von Tp-Desaturasen in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES2 und pYES2-TpDesaturasen transformiert werden, werden folgendermaßen analysiert:

Die Hefezellen aus den Hauptkulturen werden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten werden Fettsäuremethyl-
 10 ester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu werden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren werden die organi-
 15 schen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend werden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben werden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für
 20 die GLC-Analyse sind wie folgt: Die Ofentemperatur wird von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgt durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum
 25 Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids* 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany* 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters* 439(3):215-218.

Beispiel: 37 Funktionelle Charakterisierung von Desaturasen aus *Thalassiosira pseudonana*:

30 Die Substratspezifität von Desaturasen kann nach Expression in Hefe (siehe Beispiele Klonierung von Desaturase-Genen, Hefeexpression) durch die Fütterung mittels verschiedener Hefen ermittelt werden. Beschreibungen für die Bestimmung der einzelnen Aktivitäten finden sich in WO 93/11245 für Δ15-Desaturasen, WO 94/11516 für Δ12-Desaturasen, WO 93/06712, US 5,614,393, US5614393, WO 96/21022,
 35 WO0021557 und WO 99/27111 für Δ6-Desaturasen, Qiu et al. 2001, *J. Biol. Chem.* 276, 31561-31566 für Δ4-Desaturasen, Hong et al. 2002, *Lipids* 37,863-868 für Δ5-Desaturasen.

Die Aktivität der einzelnen Desaturasen wird aus der Konversionsrate errechnet nach der Formel $[\text{Substrat}/(\text{Substrat}+\text{Produkt}) \cdot 100]$.

Die folgenden Tabellen 11 und 12 geben eine Übersicht über die clonierten *Thalassiosira pseudonana* Desaturasen wieder.

- 5 Tabelle 11: Länge und charakteristische Merkmale der clonierten *Thalassiosira* Desaturasen.

Desaturase	cDNA (bp)	Protein (aa)	Cyt. B5	His-Box1	His-Box2	His-Box3
TpD4	1512	503	HPGG	HDGNH	WELQHMLGHH	QIEHHLFP
TpD5-1	1431	476	HPGG	HDANH	WMAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD5-2	1443	482	HPGG	HDANH	WLAQHWTHH	QVEHHLFP
TpD6	1449	484	HPGG	HDFLH	WKNKHNGHH	QVDHHLFP
TpFAD2 (d12)	1305	434	-	HECGH	HAKHH	HVAHHLFH
TpO3	1257	419	-	HDAGH	WLFMVTYLQH H	HVVHHLF

Tabelle 12: Länge, Exons, Homologie und Identitäten der clonierten Desaturasen.

Des.	GDNA (bp)	Exon 1	Exon 2	First Blast Hit	Hom./Iden.
TpD4	2633	496-1314	1571-2260	<i>Thrautochitrium</i> D4-des	56% / 43%
TpD5-1	2630	490-800	900-2019	<i>Phaeodactylum</i> D5-des	74% / 62%
TpD5-2	2643	532-765	854-2068	<i>Phaeodactylum</i> D5-des	72% / 61%
TpD6	2371	379-480	630-1982	<i>Phaeodactylum</i> D6-des	83% / 69%
TpFAD2	2667	728-2032	-	<i>Phaeodactylum</i> FAD2	76% / 61%
TpO3	2402	403-988	1073-1743	<i>Chaenorhabdus</i> Fad2	49% / 28%

- 10 Analog zu den vorgenannten Beispielen lassen sich auch die Δ -12-Desaturasegene aus *Ostreococcus* und *Thalassiosira* clonieren.

Beispiel 38 Klonierung von Elongase Genen aus *Xenopus laevis* und *Ciona intestinalis*

Durch Suche nach konservierten Bereichen (siehe Konsensus-Sequenzen, SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 116) in den Proteinsequenzen in Genbanken (Genbank) mit Hilfe der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene mit Δ -5-Elongaseaktivität oder Δ -6-Elongaseaktivität konnten weitere Elongasesequenzen aus anderen Organismen identifiziert und isoliert werden. Aus *X. laevis* bzw. aus *C. intestinalis* konnten mit entsprechenden Motiven jeweils weitere Sequenzen identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	Organismus	Genbank-Nr.	SEQ ID NO:	Aminosäuren
ELO(XI)	<i>Xenopus laevis</i>	BC044967	117	303
ELO(Ci)	<i>Ciona intestinalis</i>	AK112719	119	290

Der cDNA Klon von *X. laevis* wurde vom NIH (National Institut of Health) bezogen [Genetic and genomic tools for *Xenopus* research: The NIH *Xenopus* initiative, Dev. Dyn. 225 (4), 384-391 (2002)].

Der cDNA Klon von *C. inetstinalis* wurde von der Universität von Kyto bezogen [Satou, Y., Yamada, L., Mochizuki, Y., Takatori, N., Kawashima, T., Sasaki, A., Hamaguchi, M., Awazu, S., Yagi, K., Sasakura, Y., Nakayama, A., Ishikawa, H., Inaba, K. and Satoh, N. "A cDNA resource from the basal chordate *Ciona intestinalis*" JOURNAL Genesis 33 (4), 153-154 (2002)].

Beispiel 39: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen

Die Amplifizierung der Elongase-DNAs wurde jeweils mit 1 μ L cDNA, 200 μ M dNTPs, 2,5 U *Advantage*-Polymerase und 100 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Für die Klonierung der Sequenz zur heterologen Expression in Hefen wurden folgende Oligonukleotide für die PCR-Reaktion verwendet:

Gen-Name und SEQ ID NO:	Primersequenz
ELO(XI) SEQ ID NO: 121	F:5'- AGGATCC <u>ATGG</u> CCTTCAAGGAGCTCACATC
SEQ ID NO: 122	R:5'- CCTCGAGT <u>CAAT</u> GTTTTTTGCTTTTCAATG-CACCG
ELO(Ci), SEQ ID NO: 123	F:5'- TAAGCTT <u>ATGG</u> ACGTACTTCATCGT
SEQ ID NO: 124	R:5'- TCAGATCTT <u>TAAT</u> CGGTTTTACCATT

*F=forward primer, R=reverse primer

- Die PCR Produkte wurde für 30 min bei 21 °C mit dem Hefe-Expressionsvektor - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) gemäß Herstellerangaben inkubiert. Das PCR-Produkt wird dabei durch einen T-Überhang und Aktivität einer Topoisomerase (Invitrogen) nach Herstellerangaben in den Vektor ligiert. Nach der Inkubation erfolgte dann die Transformation von E. coli DH5α Zellen. Entsprechende Klone wurden durch PCR - identifiziert, die Plasmid-DNA mittels Qiagen DNAeasy-Kit isoliert und durch Sequenzierung verifiziert. Die korrekte Sequenz wurde dann in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch Elektroporation (1500 V) transformiert. Zur Kontrolle wurde der leere Vektor pYES2.1 parallel transformiert. Anschließend wurden die Hefen auf Komplet-Minimalmedium ohne Uracil mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die ohne Uracil im Medium wachstumsfähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES2.1, pYES2.1-ELO(XI) und pYES2.1-ELO(Ci). Nach der Selektion wurden je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.
- Beispiel 40: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

Für die Transformation von Pflanzen wird ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu werden mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenz eingefügt.

20 pSUN-ELO(XI)

Forward: 5'-GCGGCCGCACCATATGGCCTTCAAGGAGCTCACATC (SEQ ID NO: 125)

Reverse: 3'-GCGGCCGCCTTCAATGTTTTTTGCTTTTCAATGCACCG (SEQ ID NO: 126)

25 pSUN-ELO(Ci)

Forward: 5'-GCGGCCGCACCATATGGACGTACTTCATCGT (SEQ ID NO: 127)

Reverse: 3'-GCGGCCGCTTTAATCGGTTTACCATT

(SEQ ID NO: 128)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 5,00 µL Template cDNA
- 5 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
- 5,00 µL 2mM dNTP
- 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
- 0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

10 Reaktionsbedingungen der PCR:

Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
 Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
 Elongationstemperatur: 2 min 72°C
 Anzahl der Zyklen: 35

- 15 Die PCR Produkte wurden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wurde in gleicherweise inkubiert. Anschliessend wurden die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgte mittels Qiagen Gel Purification Kit
- 20 gemäß Herstellerangaben. Anschließend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide pSUN-ELO(XI) und pSUN-ELO(Ci) wurden durch Sequenzierung verifiziert.

- pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP [Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994]. pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem
- 25 in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des Octopinsynthase-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982) Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1-684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert.
- 35

Primersequenz: 5'-

GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
 GGATCTGCTGGCTATGAA-3' (SEQ ID NO: 129).

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

- 5 Die Lipidextraktion aus Hefen und Samen erfolgte identisch zu Beispiel 6.

Beispiel 41: Expression von ELO(XI) und ELO(Ci) in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES2, pYES2-ELO(XI) und pYES2-ELO(Ci) transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

- 10 Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit 15 Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850- 20 Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

- Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum 25 Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8): 761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 42: Funktionelle Charakterisierung von ELO(XI) und ELO(Ci):

- 30 Die Substratspezifität der ELO(XI) konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Fig. 22). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der ELO(XI)-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen ELO(XI) funktional exprimiert werden konnte.
- 35 Tabelle 13 zeigt, dass die ELO(XI) eine breite Substratspezifität aufweist. Es werden sowohl C18 als auch C20 Fettsäuren verlängert, wobei ein Bevorzugung von Δ5- und Δ6-desaturierten Fettsäuren zu beobachten ist.

Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-ELO(XI) transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

- 5 Tabelle 13: Expression von ELO(XI) in Hefe. Beschrieben ist die Umsetzungsrate (Konversionsrate) verschiedener Edukte (gefüttert jeweils 250 μ M).

Edukte	Konversion der Edukte durch ELO(XI) in %
16:0	3
16:1 ^{Δ9}	0
18:0	2
18:1 ^{Δ9}	0
18:2 ^{Δ9,12}	3
18:3 ^{Δ6,9,12}	12
18:3 ^{Δ5,9,12}	13
18:3 ^{Δ9,12,15}	3
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	20
20:3 ^{Δ8,11,14}	5
20:3 ^{Δ11,14,17}	13
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	15
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	10
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	0
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	0

Die Substratspezifität der ELO(Ci) konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Fig. 23). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der ELO(Ci)-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen ELO(Ci) funktional exprimiert werden konnte.

5

Tabelle 14: Expression von ELO(Ci) in Hefe. Beschrieben ist die Umsetzungsrate (Konversionsrate) verschiedener Edukte (gefüttert jeweils 250 μ M).

Edukte	Konversion der Edukte durch ELO(Ci) in %
16:0	0
16:1 ^{Δ9}	0
18:0	0
18:1 ^{Δ9}	0
18:2 ^{Δ9,12}	23
18:3 ^{Δ6,9,12}	10
18:3 ^{Δ5,9,12}	38
18:3 ^{Δ9,12,15}	25
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	3
20:3 ^{Δ8,11,14}	10
20:3 ^{Δ11,14,17}	8
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	10
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	15
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	0
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	0

Tabelle 14 zeigt, dass die ELO(Ci) eine breite Substratspezifität aufweist. Es werden sowohl C18 als auch C20 Fettsäuren verlängert, wobei eine Bevorzugung von Δ 5- und Δ 6-desaturierten Fettsäuren zu beobachten ist.

- 5 Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-ELO(Ci) transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Beispiel 43: Klonierung von Genen aus *Ostreococcus tauri*

- 10 Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe der hierin beschriebenen Elongase-Gene mit Δ 5-Elongaseaktivität oder Δ 6-Elongaseaktivität konnten je zwei Sequenzen mit entsprechenden Motiven in einer *Ostreococcus tauri* Sequenzdatenbank (genomische Sequenzen) identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren
OtELO1, (Δ 5-Elongase)	SEQ ID NO: 67	300
OtELO1.2, (Δ 5-Elongase)	SEQ ID NO: 113	300
OtELO2, (Δ 6-Elongase)	SEQ ID NO: 69	292
OtELO2.1, (Δ 6-Elongase)	SEQ ID NO: 111	292

- 15 OtElo1 und OtElo1.2 weisen die höchste Ähnlichkeit zu einer Elongase aus *Danio rerio* auf (GenBank AAN77156; ca. 26 % Identität), während OtElo2 und OtElo2.1 die größte Ähnlichkeit zur *Physcomitrella* Elo (PSE) [ca. 36 % Identität] aufweisen (Alignments wurden mit dem tBLASTn-Algorithmus (Altschul et al., J. Mol. Biol. 1990, 215: 403 – 410) durchgeführt.

Die Klonierung der Elongasen wurde wie folgt durchgeführt:

- 20 40 ml einer *Ostreococcus tauri* Kultur in der stationären Phase wurden abzentrifugiert und in 100 μ l Aqua bidest resuspendiert und bei -20°C gelagert. Auf der Basis des PCR-Verfahren wurden die zugehörigen genomischen DNAs amplifiziert. Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292) neben dem Startcodon
- 25 trugen. Die Amplifizierung der OtElo-DNAs wurde jeweils mit 1 μ l aufgetauten Zellen, 200 μ M dNTPs, 2,5 U *Taq*-Polymerase und 100 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 μ l durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.
- 30

Beispiel 44: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen:

5 Zur Charakterisierung der Funktion der Elongasen aus *Ostreococcus tauri* wurden die offenen Leserahmen der jeweiligen DNAs stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen) kloniert, wobei pOTE1, pOTE1.2, pOTE2 und pOTE2.1 erhalten wurden.

10 Der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm 334 wurde durch Elektroporation (1500 V) mit dem Vektor pOTE1, pOTE1.2, pOTE2 bzw. pOTE2.1 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem leeren Vektor pYES2 transformiert wurde. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplet-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil. Nach der Selektion wurden je drei Transformanten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

15 Für die Expression der Ot-Elongasen wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 5 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose aber ohne Uracil mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200 rpm inkubiert. 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil) mit 2% Raffinose und 300 µM verschiedener Fettsäuren wurden dann mit den Vorkulturen auf eine OD₆₀₀ von 0,05 angeimpft. Die Expression wurde durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 96 h bei 20°C inkubiert.

20 Beispiel 45: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

25 Für die Transformation von Pflanzen wurde ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wurden mittels PCR NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenzen eingefügt. Die entsprechenden Primersequenzen wurden von den 5'- und 3-Bereich von OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 und OtElo2.1 abgeleitet.

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

30 5,00 µL Template cDNA
5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
5,00 µL 2mM dNTP
1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

35 Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
Elongationstemperatur: 2 min 72°C
Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte werden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wird in gleicherweise inkubiert. Anschließend wurden die PCR Produkte sowie der Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgte mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäß Herstellerangaben. Anschliessend wurden Vektor und PCR-Produkte ligiert. Dazu wurde das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Die entstandenen Plasmide pSUN-OtELO1, pSUN-OtELO1.2, pSUN-OtELO2 und pSUN-OtELO2.2 wurden durch Sequenzierung verifiziert.

- 10 pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP [Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of *Agrobacterium* binary vectors for plant transformation. *Plant Mol Biol* 25:989-994]. pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des *Ostreococcus*-Gens aus dem *A. tumefaciens* Ti-Plasmid
- 15 (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the *Agrobacterium tumefaciens* Ti plasmid-encoded octopine synthase gene *J. Mol. Appl. Genet.* 1 (6), 499-511 (1982). Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1 bis 684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region
- 20 des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert.

Primersequenz:

- 25 5'-GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
GGATCTGCTGGCTATGAA-3'). (SEQ ID NO: 130)

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/SalI nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeichnung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

- 30 Beispiel 46: Expression von OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 und OtELO2.2 in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 15 mit den Plasmiden pYES3, pYES3-OtELO1, pYES3-OtELO1.2, pYES3-OtELO2 und pYES3-OtELO2.2 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

- 35 Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit

Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C (halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 47: Funktionelle Charakterisierung von OtElo1, OtElo1.2, OtElo2 und OtElo2.1:

Die Substratspezifität der OtElo1 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Tab. 15). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der OtElo1-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen OtElo1 funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 15 zeigt, dass OtElo1 bzw. OtElo1.2 eine enge Substratspezifität aufweist. OtElo1 bzw. OtElo1.2 konnte nur die C20-Fettsäuren Eicosapentaensäure (Figur 24A, 24B) und Arachidonsäure (Figur 25A, 25B) elongieren, bevorzugte aber die ω-3-desaturierte Eicosapentaensäure.

Tabelle 15 zeigt die Substratspezifität der Elongase OtElo1 und OtElo1.2 für C20 polyungesättigte Fettsäuren mit einer Doppelbindung in Δ5 Position gegenüber verschiedenen Fettsäuren.

Die Hefen, die mit dem Vektor pOTE1 bzw. pOTE1.2 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

Die Substratspezifität der OtElo2 (SEQ ID NO: 81) OtElo2.1 (SEQ ID NO: 111) konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Tab. 16). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der OtElo2-Reaktion. Dies bedeutet, dass die Gene OtElo2 und OtElo2.1 funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 15:

Fettsäuresubstrat	Umsatz (in %) OtElo1	Umsatz (in %) OtElo1.2
16:0	-	-
16:1 ^{Δ9}	-	-
18:0	-	-
18:1 ^{Δ9}	-	-
18:1 ^{Δ11}	-	-
18:2 ^{Δ9,12}	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	-	-
18:3 ^{Δ5,9,12}	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	10,8 ± 0,6	38,0
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	46,8 ± 3,6	68,6
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-	-

Tabelle 16 zeigt die Substratspezifität der Elongase OtElo2 und OtElo2.1 gegenüber verschiedenen Fettsäuren. OtElo2.1 zeigt eine deutlich höhere Aktivität.

- 5 Die Hefen, die mit dem Vektor pOTE2 bzw. pOTE2.1 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert.

- 10 Die enzymatische Aktivität, die in Tabelle 16 wiedergegeben wird, zeigt klar, dass OtElo2 bzw. OtElo2.1 eine Δ-6-Elongase ist.

Tabelle 16:

Fettsäuresubstrat	Umsatz (in %) OtElo2	Umsatz (in %) OtELO2.2
16:0	-	-
16:1 ^{Δ9}	-	-
16:3 ^{Δ7,10,13}	-	-
18:0	-	-
18:1 ^{Δ6}	-	-
18:1 ^{Δ9}	-	-
18:1 ^{Δ11}	-	-
18:2 ^{Δ9,12}	-	-
18:3 ^{Δ6,9,12}	15,3	55,7
18:3 ^{Δ5,9,12}	-	-
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	21,1	70,4
20:2 ^{Δ11,14}	-	-
20:3 ^{Δ8,11,14}	-	-
20:4 ^{Δ5,8,11,14}	-	-
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	-	-
22:4 ^{Δ7,10,13,16}	-	-
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	-	-
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	-	-

Figur 24 A – D zeigt die Elongation von Eicosapentaensäure durch OtElo1 (B) bzw. OtElo1.2 (D). Die Kontrollen (A, C) zeigen nicht das Produkt der Elongation (22:5ω3).

5

Figur 25 A – D zeigt die Elongation von Arachidonsäure durch OtElo1 (B) bzw. OtElo1.2 (D). Die Kontrollen (A, C) zeigen nicht das Produkt der Elongation (22:4ω6).

Beispiel 48: Klonierung von Elongase-Genen aus *Euglena gracilis* und *Arabidopsis thaliana*

- 10 Durch Suche nach konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene mit Δ-5-Elongaseaktivität oder Δ-6-Elongaseaktivität konnten Sequenzen aus *Arabidopsis thaliana* bzw. *Euglena gracilis*

mit entsprechenden Motiven in Sequenzdatenbanken (Genbank, Euglena EST Bank) identifiziert werden. Es handelt sich dabei um die folgenden Sequenzen:

Gen-Name	SEQ ID	Aminosäuren
EGY1019 (<i>E. gracilis</i>)	SEQ ID NO: 131	262
EGY2019 (<i>E. gracilis</i>)	SEQ ID NO: 133	262
At3g06460 (<i>A. thaliana</i>)	SEQ ID NO: 135	298
At3g06470 (<i>A. thaliana</i>)	SEQ ID NO: 137	278

Die Klonierung der Elongasen aus *Euglena gracilis* wurden wie folgt durchgeführt:

- 5 Der *Euglena gracilis* Stamm 1224-5/25 wurde erhalten von der Sammlung für Algenkulturen Göttingen (SAG). Zur Isolierung wurde der Stamm in Medium II (Calvayrac R and Douce R, FEBS Letters 7:259-262, 1970) für 4 Tage bei 23 °C unter einem Licht-/Dunkelintervall von 8 h / 16 h (35 mol s⁻¹ m⁻² Lichtstärke) angezogen.

- 10 Gesamt-RNA von einer viertägigen *Euglena* Kultur wurde mit Hilfe des RNAeasy Kits der Firma Qiagen (Valencia, CA, US) isoliert. Aus der Gesamt-RNA wurde mit Hilfe von oligo-dT-Cellulose poly-A⁺ RNA (mRNA) isoliert (Sambrook et al., 1989). Die RNA wurde mit dem Reverse Transcription System Kit von Promega revers transkribiert und die synthetisierte cDNA in den lambda ZAP Vektor (lambda ZAP Gold, Stratagene) kloniert. Entsprechend der Herstellerangaben wurde die cDNA zur Plasmid-DNA entpackt und Klone wurden zur Zufallssequenzierung ansequenziert. Aus der Gesamt-
- 15 RNA wurde mit Hilfe des PolyAtract Isolierungssystems (Promega) mRNA isoliert. Die mRNA wurde mit dem Marathon cDNA Amplifikation-Kit (BD Biosciences) reverse transkribiert und entsprechend der Herstellerangaben wurden die Adaptoren ligiert. Die cDNA-Bank wurde dann für die PCR zur Klonierung von Expressionsplasmiden mittels 5'- und 3'-RACE (rapid amplification of cDNA ends) verwendet.

- 20 Die Klonierung der Elongasen aus *Arabidopsis thaliana* wurde wie folgt durchgeführt:

Ausgehend von der genomischen DNA wurden für die beiden Gene Primer entsprechend am 5'- und 3'-Ende des offenen Leserahmens abgeleitet.

- 25 Zur Isolierung von Gesamt-RNA aus *A. thaliana* wurde nach Chirgwin *et al.*, (1979) verfahren. Blätter von 21 Tage alten Pflanzen wurden in flüssigem Stickstoff zermörsert, mit Aufschlusspuffer versetzt und für 15 min bei 37 °C inkubiert. Nach Zentrifugation (10 min, 4 °C, 12000xg) wurde die RNA im Überstand mit 0,02 Volumen 3 M Natriumacetat pH 5,0 und 0,75 Volumen Ethanol bei -20 °C für 5 h präzipitiert. Die RNA wurde dann nach einem weiteren Zentrifugationsschritt in 1 mL TES pro g Ausgangsmaterial aufgenommen, einmal mit einem Volumen Phenol-Chloroform und
- 30 einmal mit einem Volumen Chloroform extrahiert und die RNA mit 2,5 M LiCl gefällt. Nach anschliessendem Zentrifugieren und Waschen mit 80 %igem Ethanol wurde die RNA in Wasser resuspendiert. Entsprechend Sambrook et al. 1989 wurde die cDNA

synthetisiert und RT-PCR mit den abgeleiteten Primer durchgeführt. Die PCR-Produkte wurden nach Herstellerangaben in den Vektor pYES2.1-TOPO (Invitrogen) kloniert.

Beispiel 49: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in Hefen:

- 5 Zur Charakterisierung der Funktion der Elongasen aus *A. thaliana* wurden die offenen Leseraster der jeweiligen DNAs stromabwärts des Galactose-induzierbaren GAL1-Promotors von pYES2.1/V5-His-TOPO (Invitrogen) kloniert, wobei pAt60 und pAt70 erhalten wurden.
- 10 Der *Saccharomyces cerevisiae*-Stamm 334 wurde durch Elektroporation (1500 V) mit dem Vektor pAt60 bzw. pAt70 transformiert. Als Kontrolle wurde eine Hefe verwendet, die mit dem leeren Vektor pYES2.1 transformiert wurde. Die Selektion der transformierten Hefen erfolgte auf Komplet-Minimalmedium (CMdum)-Agarplatten mit 2% Glucose, aber ohne Uracil. Nach der Selektion wurden je drei Transformanten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.
- 15 Für die Expression der At-Elongasen wurden zunächst Vorkulturen aus jeweils 5 ml CMdum-Flüssigmedium mit 2% (w/v) Raffinose aber ohne Uracil mit den ausgewählten Transformanten angeimpft und 2 Tage bei 30°C, 200 rpm inkubiert.
- 20 5 ml CMdum-Flüssigmedium (ohne Uracil) mit 2% Raffinose und 300 µM verschiedener Fettsäuren wurden dann mit den Vorkulturen auf eine OD₆₀₀ von 0,05 angeimpft. Die Expression wurde durch die Zugabe von 2% (w/v) Galactose induziert. Die Kulturen wurden für weitere 96 h bei 20°C inkubiert.

Beispiel 50: Expression von pAt60 und pAt70 in Hefen

Hefen, die wie unter Beispiel 5 mit den Plasmiden pYES2.1, pAt60 bzw. pAt70 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

- 25 Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethylester (FAMES) durch saure Methanolyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei
- 30 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organischen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-
- 35 Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C (halten) programmiert.

Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch. Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 51: Funktionelle Charakterisierung von pAt60 und pAt70

Die Substratspezifität der Elongasen At3g06460 bzw. At3g06470 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Tab. 17, Fig. 26). Die gefütterten Substrate sind in allen transgenen Hefen nachzuweisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der Gene At3g06460 bzw. At3g06470. Dies bedeutet, dass diese Gene funktional exprimiert werden konnte.

Tabelle 17: Elongation von EPA durch die Elongasen At3g06460 bzw. At3g06470. Messung der Hefeextrakte nach Fütterung mit 250 μ M EPA.

Gen	Gefütterte Fettsäure	Gehalt an C20:5n-3	Gehalt an C22:5n-3
At3g06460	EPA (C20:5n-3)	20,8	0,6
At3g06460	EPA (C20:5n-3)	25,4	1,1
Konversionsrate von EPA		At3g06460: 3,0 %	At3g06470: 4,1 %

Figur 26 gibt die Elongation von 20:5n-3 durch die Elongasen At3g06470 wieder.

Beispiel 52: Klonierung einer Elongase aus *Phaeodactylum tricornutum*

Ausgehend von konservierten Bereichen in den Proteinsequenzen mit Hilfe der in der Anmeldung aufgeführten Elongase-Gene mit Δ -6-Elongaseaktivität wurden degenerierte Primer hergestellt und mit diesen eine *Phaeodactylum* cDNA Bank mittels PCR durchsucht. Folgende Primer-Sequenzen wurden eingesetzt:

Primer-Name	Sequenz 5'-3' Orientierung	Korrespondierende Aminosäuren
Phaelo forward1	AA(C/T)CTUCTUTGGCTUTT(C/T)TA (SEQ ID NO. 185)	NLLWLFY
Phaelo reverse1	GA(C/T)TGUAC(A/G)AA(A/G)AA(C/T)TGUG C(A/G)AA (SEQ ID NO. 186)	FAQFFVQS

Nukleotidbasen in Klammern bedeuten, dass eine Mischung von Oligonukleotiden mit jeweils der einen oder anderen Nukleotidbase vorliegen.

Herstellung der *Phaeodactylum* cDNA Bank:

- 5 Eine 2 L Kultur von *P. tricornutum* UTEX 646 wurde in f/2 Medium (Guillard, R.R.L. 1975. Culture of phytoplankton for feeding marine invertebrates. In *Culture of Marine Invertebrate Animals* (Eds. Smith, W.L. and Chanley, M.H.), Plenum Press, New York, pp 29–60.) für 14 d (= Tage) bei einer Lichtstärke von 35 E/cm² angezogen. Gefrorene Zellen wurden nach Zentrifugation in der Gegenwart von flüssigem Stickstoff zu einem
- 10 feinen Pulver gemahlen und mit 2 mL Homogenisierungspuffer (0,33 M Sorbitol, 0,3 M NaCl, 10 mM EDTA, 10 mM EGTA, 2% SDS, 2% Mercaptoethanol in 0,2 M Tris-Cl pH 8,5) resuspendiert. Nach Zugabe von 4 mL Phenol und 2 mL Chloroform wurde 15 min kräftig bei 40–50 °C geschüttelt. Anschliessend wurde zentrifugiert (10 min x 10000g) und die wässrige Phase schrittweise mit Chloroform extrahiert. Nukleinsäuren wurden
- 15 dann durch Zugabe von 1/20 Volumen 4 M Natriumhydrogencarbonatlösung gefällt und zentrifugiert. Das Pellet wurde in 80 mM Tris-borat pH 7,0 und 1 mM EDTA aufgenommen und die RNA mit 8 M Lithiumchlorid gefällt. Nach Zentrifugation und Waschen mit 70%igem Ethanol wurde das RNA-Pellet mit Rnase-freiem Wasser aufgenommen. Poly(A)-RNA wurde mit Dynabeads (Dyna, Oslo, Norwegen) nach Herstellerangaben
- 20 isoliert und die Erst-Strang-cDNA-Synthese mit MLV-Rtase von Roche (Mannheim) durchgeführt. Die Zweit-Strang-Synthese erfolgte dann mittels DNA Polymerase I und Klenow Fragment, gefolgt von einem RnaseH Verdau. Die cDNA wurde mit T4 DNA Polymerase behandelt und anschliessend EcoRI/XhoI Adaptoren (Pharmacia, Freiburg) mittels T4 Ligase angehängt. Nach XhoI Verdau, Phosphorylierung und Geltrennung wurden Fragmente grösser als 300 bp entsprechend der Herstellerangaben in
- 25 den lambda ZAP Express Phagen ligiert (Stratagene, Amsterdam, Niederlande). Nach Massenexcision der cDNA-Bank und Plasmid-Rückgewinnung wurde die Plasmid-Bank in *E. coli* DH10B Zellen transformiert und zur PCR-Sichtung eingesetzt.

- 30 Mittels den oben genannten degenerierten Primern konnte das PCR-Fragment mit der Sequenznummer SEQ ID NO: 187 generiert werden.

Dieses Fragment wurde mit Digoxigenin markiert (Roche, Mannheim) und als Sonde für die Sichtung der Phagen-Bank verwendet.

- 35 Mit Hilfe der Sequenz SEQ ID NO: 187 konnte die Gensequenz SEQ ID NO: 183 erhalten werden, die das Vollängen-RNA-Molekül der $\Delta 6$ -Elongase von *Phaeodactylum* darstellt:

Beispiel 53: Klonierung von Expressionsplasmiden zur heterologen Expression in - Hefen

Die entsprechenden Primerpaare wurden so ausgewählt, dass sie die Hefe-Konsensus-Sequenz für hocheffiziente Translation (Kozak, Cell 1986, 44:283-292)

- neben dem Startcodon trugen. Die Amplifizierung der PtELO6-DNA wurde jeweils mit 1 µL cDNA, 200 µM dNTPs, 2,5 U Advantage-Polymerase und 100 pmol eines jeden Primers in einem Gesamtvolumen von 50 µl durchgeführt. Die Bedingungen für die PCR waren wie folgt: Erste Denaturierung bei 95°C für 5 Minuten, gefolgt von 30
- 5 Zyklen bei 94°C für 30 Sekunden, 55°C für 1 Minute und 72°C für 2 Minuten sowie ein letzter Verlängerungsschritt bei 72°C für 10 Minuten.

Für die Klonierung der Sequenz zur heterologen Expression in Hefen wurden folgende Oligonukleotide für die PCR-Reaktion verwendet:

Gen-Name und SEQ ID NO:	Primersequenz
PtELO6 (SEQ ID NO: 183)	F:5'-GCGGCCGCGACATAATGATGGTACCTTCAAG (SEQ ID NO: 188) R:3'- GAAGACAGCTTAATAGACTAGT (SEQ ID NO: 189)

*F=forward primer, R=reverse primer

- 10 Die PCR Produkte wurden für 30 min bei 21 °C mit dem Hefe-Expressionsvektor - pYES2.1-TOPO (Invitrogen) gemäß Herstellerangaben inkubiert. Das PCR-Produkt (siehe SEQ ID NO: 192) wurde dabei durch einen T-Überhang und Aktivität einer Topoisomerase (Invitrogen) in den Vektor ligiert. Nach der Inkubation erfolgte dann die Transformation von E. coli DH5α Zellen. Entsprechende Klone wurden durch PCR -
- 15 identifiziert, die Plasmid-DNA mittels Qiagen DNAeasy-Kit isoliert und durch Sequenzierung verifiziert. Die korrekte Sequenz wurde dann in den Saccharomyces Stamm INVSc1 (Invitrogen) durch Elektroporation (1500 V) transformiert. Zur Kontrolle wurde der leere Vektor pYES2.1 parallel transformiert. Anschließend wurden die Hefen auf Komplett-Minimalmedium ohne Uracil mit 2 % Glucose ausplattiert. Zellen, die ohne
- 20 Uracil im Medium wachstumsfähig waren, enthalten damit die entsprechenden Plasmide pYES2.1 und pYES2.1-PtELO6. Nach der Selektion wurden je zwei Transformaten zur weiteren funktionellen Expression ausgewählt.

Beispiel 54: Klonierung von Expressionsplasmiden zur Samen-spezifischen Expression in Pflanzen

- 25 Für die Transformation von Pflanzen wird ein weiterer Transformationsvektor auf Basis von pSUN-USP erzeugt. Dazu wird mit folgendem Primerpaar NotI-Schnittstellen am 5' und 3'-Ende der kodierenden Sequenz eingefügt:

PSUN-PtELO6

- Forward: 5'-GCGGCCGCGACCATGATGGTACCTTCAAGTTA (SEQ ID NO: 190)
- 30 Reverse: 3'-GAAGACAGCTTAATAGGCGGCCGC (SEQ ID NO: 191)

Zusammensetzung des PCR-Ansatzes (50 µL):

- 5,00 µL Template cDNA
- 5,00 µL 10x Puffer (Advantage-Polymerase)+ 25mM MgCl₂
- 5,00 µL 2mM dNTP
- 5 1,25 µL je Primer (10 pmol/µL)
- 0,50 µL Advantage-Polymerase

Die Advantage-Polymerase von Clontech wurden eingesetzt.

Reaktionsbedingungen der PCR:

- Anlagerungstemperatur: 1 min 55°C
- 10 Denaturierungstemperatur: 1 min 94°C
- Elongationstemperatur: 2 min 72°C
- Anzahl der Zyklen: 35

Die PCR Produkte werden für 16 h bei 37 °C mit dem Restriktionsenzym NotI inkubiert. Der Pflanzen-Expressionsvektor pSUN300-USP wird in gleicherweise inkubiert.

- 15 Anschliessend werden die PCR Produkte sowie der 7624 bp große Vektor durch Agarose-Gelelektrophorese aufgetrennt und die entsprechenden DNA-Fragmente ausgeschnitten. Die Aufreinigung der DNA erfolgt mittels Qiagen Gel Purification Kit gemäss Herstellerangaben. Anschließend werden Vektor und PCR-Produkte ligiert.
- 20 Dazu wird das Rapid Ligation Kit von Roche verwendet. Das entstandene Plasmide pSUN-PtELO wird durch Sequenzierung verifiziert.

- pSUN300 ist ein Derivat des Plasmides pPZP (Hajdukiewicz, P., Svab, Z., Maliga, P., (1994) The small versatile pPZP family of Agrobacterium binary vectors for plant transformation. Plant Mol Biol 25:989-994). pSUN-USP entstand aus pSUN300, indem in pSUN300 ein USP-Promotor als EcoRI- Fragment inseriert wurde. Das Polyadenylierungssignal ist das des Octopinsynthase-Gens aus dem A. tumefaciens Ti-Plasmid (ocs-Terminator, Genbank Accession V00088) (De Greve, H., Dhaese, P., Seurinck, J., Lemmers, M., Van Montagu, M. and Schell, J. Nucleotide sequence and transcript map of the Agrobacterium tumefaciens Ti plasmid-encoded octopine synthase gene J. Mol. Appl. Genet. 1 (6), 499-511 (1982). Der USP-Promotor entspricht den Nukleotiden 1-684 (Genbank Accession X56240), wobei ein Teil der nichtcodierenden Region des USP-Gens im Promotor enthalten ist. Das 684 Basenpaar große Promotorfragment wurde mittels käuflichen T7-Standardprimer (Stratagene) und mit Hilfe eines synthetisierten Primers über eine PCR-Reaktion nach Standardmethoden amplifiziert.
- 25
- 30

- (Primersequenz: 5'-
- 35 GTCGACCCGCGGACTAGTGGGCCCTCTAGACCCGGGGGATCC
- GGATCTGCTGGCTATGAA-3'; SEQ ID NO: 151).

Das PCR-Fragment wurde mit EcoRI/Sall nachgeschnitten und in den Vektor pSUN300 mit OCS Terminator eingesetzt. Es entstand das Plasmid mit der Bezeich-

nung pSUN-USP. Das Konstrukt wurde zur Transformation von *Arabidopsis thaliana*, Raps, Tabak und Leinsamen verwendet.

Die Lipidextraktion aus Hefen und Samen erfolgte identisch zu Beispiel 6.

Beispiel 55: Expression von PtELO in Hefen

- 5 Hefen, die wie unter Beispiel 4 mit den Plasmiden pYES2 und pYES2-PtELO6 transformiert wurden, wurden folgendermaßen analysiert:

- Die Hefezellen aus den Hauptkulturen wurden durch Zentrifugation (100 x g, 5 min, 20°C) geerntet und mit 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 gewaschen, um restliches Medium und Fettsäuren zu entfernen. Aus den Hefe-Zellsedimenten wurden Fettsäuremethyl-
 10 ester (FAMES) durch saure Methanololyse hergestellt. Hierzu wurden die Zellsedimente mit 2 ml 1 N methanolischer Schwefelsäure und 2% (v/v) Dimethoxypropan für 1 h bei 80°C inkubiert. Die Extraktion der FAMES erfolgte durch zweimalige Extraktion mit Petrolether (PE). Zur Entfernung nicht derivatisierter Fettsäuren wurden die organi-
 15 schen Phasen je einmal mit 2 ml 100 mM NaHCO₃, pH 8,0 und 2 ml Aqua dest. gewaschen. Anschließend wurden die PE-Phasen mit Na₂SO₄ getrocknet, unter Argon eingedampft und in 100 µl PE aufgenommen. Die Proben wurden auf einer DB-23-
 20 Kapillarsäule (30 m, 0,25 mm, 0,25 µm, Agilent) in einem Hewlett-Packard 6850-Gaschromatographen mit Flammenionisationsdetektor getrennt. Die Bedingungen für die GLC-Analyse waren wie folgt: Die Ofentemperatur wurde von 50°C bis 250°C mit einer Rate von 5°C/min und schließlich 10 min bei 250°C(halten) programmiert.

- Die Identifikation der Signale erfolgte durch Vergleiche der Retentionszeiten mit entsprechenden Fettsäurestandards (Sigma). Die Methodik ist beschrieben zum
 Beispiel in Napier and Michaelson, 2001, *Lipids*. 36(8):761-766; Sayanova et al., 2001, *Journal of Experimental Botany*. 52(360):1581-1585, Sperling et al., 2001, *Arch.*
 25 *Biochem. Biophys.* 388(2):293-298 und Michaelson et al., 1998, *FEBS Letters*. 439(3):215-218.

Beispiel 56: Funktionelle Charakterisierung von PtELO6:

- In Figur 29 ist die Umsetzung von C18:3^{Δ6,9,12} und C18:4^{Δ6,9,12,15} wiedergegeben. Die
 Substrate werden um je zwei Kohlenstoffatome elongiert es entstehen jeweils die
 30 Fettsäuren C20:3^{Δ8,11,14} bzw. C20:4^{Δ8,11,14,17}. Die Substratspezifität von PtELO6 konnte nach Expression und Fütterung verschiedener Fettsäuren ermittelt werden (Fig. 30). Die gefütterten Substrate sind in großen Mengen in allen transgenen Hefen nachzu-
 weisen. Die transgenen Hefen zeigten die Synthese neuer Fettsäuren, den Produkten der PtELO6-Reaktion. Dies bedeutet, dass das Gen PtELO6 funktional exprimiert
 35 werden konnte.

Tabelle 18 zeigt, dass die PtELO6 eine enge Substratspezifität aufweist. PtELO6 konnte nur die C18-Fettsäuren Linolsäure, Linolensäure, γ-Linolensäure und Stearidonsäure elongieren, bevorzugte aber die ω-3-desaturierte Stearidonsäure (siehe auch Figur 30).

Fütterungsexperiment: Fettsäuren (fett) wurden jeweils mit 250 µM zugegeben. Die unterstrichenen Fettsäuren wurden neu gebildet.

Tabelle 18: Substratspezifität der PtElo6

gefütterte Fettsäure:		+ 18:2	+ 18:3	+ 18:3	+ 18:4
16:0	16,2	18,2	15,2	20	04:48
16:1	50,6	20,5	22,8	33,5	34,2
18:0	5,4	6,3	6,2	5,2	12,4
18:1	27,7	14,6	19,6	19,3	16,7
18:2		40			
18:3			32,9		
18:3				12,3	
18:4					4,5
20:2		<u>0,4</u>			
20:3			<u>3,4</u>		
20:3				<u>9,7</u>	
20:4					<u>14,5</u>
% Elongation	0,0	0,99	9,37	44,09	76,32

5 Folgende Fettsäuren wurden gefüttert, aber nicht umgesetzt:

- 18:1^{Δ6}, 18:1^{Δ9}, 18:1^{Δ11}
- 20:2^{Δ11,14}, 20:3^{Δ11,14,17}, 20:3^{Δ8,11,14}, 20:4^{Δ5,8,11,14}, 20:5^{Δ5,8,11,14,17}
- 22:4^{Δ7,10,13,16}

10 Die Hefen, die mit dem Vektor pYES2-PtELO6 transformiert worden waren, wurden in Minimalmedium in Gegenwart der angegebenen Fettsäuren kultiviert. Die Synthese der Fettsäuremethylester erfolgte durch saure Methanolyse intakter Zellen. Anschließend wurden die FAMES über GLC analysiert. So wurden die Ergebnisse, die in den Figuren 29 und 30 sowie in der Tabelle 16 dargestellt wurden, ermittelt.

Äquivalente:

15 Der Fachmann erkennt oder kann viele Äquivalente der hier beschriebenen erfindungsgemäßen spezifischen Ausführungsformen feststellen, indem er lediglich Routineexperimente verwendet. Diese Äquivalente sollen von den Patentansprüchen umfasst sein.

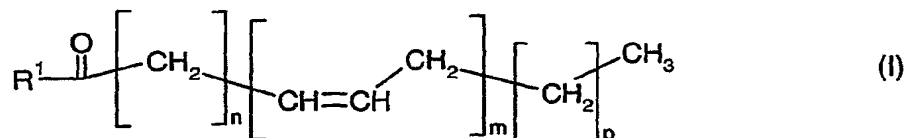
Tabelle 3: Umsetzungsraten der gefütterten Fettsäuren. Die Konversionsraten wurden berechnet nach der Formel:

$$[\text{Konversionsrate}] = \frac{[\text{Produkt}]}{([\text{Substrat}] + [\text{Produkt}])} * 100.$$

BioTaur-Klone Fläche in % der GC-Analyse														
Clone	Fett-säure	C16:0	C16:1 (n-7)	C18:0	C18:1 (n-9)	C18:3 (n-6)	C18:4 (n-3)	C20:3 (n-6)	C20:4 (n-6)	C20:4 (n-3)	C20:5 (n-3)	C22:4 (n-6)	C22:4 (n-3)	C22:5 (n-3)
Vector	keine	21.261	41.576	4.670	25.330									
BioTaur	Keine	20.831	37.374	4.215	26.475									
Vector	GLA + EPA	22.053	23.632	5.487	17.289	11.574					13.792			
BioTaur	GLA + EPA	20.439	25.554	6.129	19.587	3.521		6.620			10.149			1.127
Vector	EPA	20.669	28.985	6.292	21.712						16.225			
BioTaur	EPA	20.472	26.913	6.570	23.131						11.519			3.251
Vector	ARA	23.169	23.332	6.587	12.735				27.069					
BioTaur	ARA	20.969	31.281	5.367	21.351				9.648			1.632		
Vector	SDA	18.519	12.626	6.642	6.344		47.911							
BioTaur	SDA	19.683	15.878	7.246	8.403		13.569			25.946			0.876	

Patentansprüche

1. Verfahren zur Herstellung von Verbindungen der allgemeinen Formel I

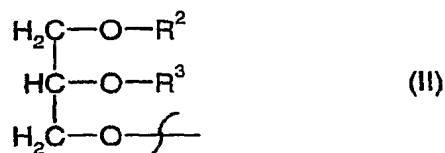


in transgenen Organismen mit einem Gehalt von mindestens 1 Gew.-% dieser Verbindungen bezogen auf den Gesamtlipidgehalt des transgenen Organismus, dadurch gekennzeichnet, dass es folgende Verfahrensschritte umfasst:

- a) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -9-Elongase- oder eine Δ -6-Desaturase-Aktivität codiert, und
- b) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -8-Desaturase- oder eine Δ -6-Elongase-Aktivität codiert, und
- c) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -5-Desaturase-Aktivität codiert, und
- d) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -5-Elongase-Aktivität codiert, und
- e) Einbringen mindestens einer Nukleinsäuresequenz in den Organismus, welche für eine Δ -4-Desaturase-Aktivität codiert, und

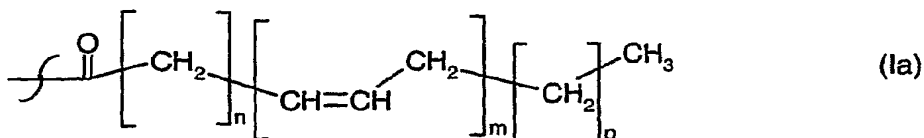
wobei die Variablen und Substituenten in der Formel I die folgende Bedeutung haben:

R^1 = Hydroxyl-, CoenzymA-(Thioester), Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol-, Sphingobase-, oder einen Rest der allgemeinen Formel II



R^2 = Wasserstoff-, Lyso-Phosphatidylcholin-, Lyso-Phosphatidylethanolamin-, Lyso-Phosphatidylglycerol-, Lyso-Diphosphatidylglycerol-, Lyso-Phosphatidylserin-, Lyso-Phosphatidylinositol- oder gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-,

5 R^3 = Wasserstoff-, gesättigtes oder ungesättigtes C_2 - C_{24} -Alkylcarbonyl-, - oder R^2 oder R^3 unabhängig voneinander einen Rest der allgemeinen Formel Ia:



$n = 2, 3, 4, 5, 6, 7$ oder 9 , $m = 2, 3, 4, 5$ oder 6 und $p = 0$ oder 3 .

10 2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -4-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt sind aus der Gruppe bestehend aus:

15 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15, SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23, SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31, SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39, SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO: 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO: 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO: 137 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz, oder

30 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von den in SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO: 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26, SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34, SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38,

5 SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42, SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46,
 SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54,
 SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66,
 SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74,
 10 SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ
 ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID
 NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO:
 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO:
 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO:
 136, SEQ ID NO: 138 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäure-
 sequenzen ableiten lassen, oder

c) Derivate der in SEQ ID NO: 1, SEQ ID NO: 3, SEQ ID NO: 5, SEQ ID
 NO: 7, SEQ ID NO: 9, SEQ ID NO: 11, SEQ ID NO: 13, SEQ ID NO: 15,
 15 SEQ ID NO: 17, SEQ ID NO: 19, SEQ ID NO: 21, SEQ ID NO: 23,
 SEQ ID NO: 25, SEQ ID NO: 27, SEQ ID NO: 29, SEQ ID NO: 31,
 SEQ ID NO: 33, SEQ ID NO: 35, SEQ ID NO: 37, SEQ ID NO: 39,
 SEQ ID NO: 41, SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47,
 SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 51, SEQ ID NO: 53, SEQ ID NO: 59,
 20 SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67,
 SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 71, SEQ ID NO: 73, SEQ ID NO: 75,
 SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 83, SEQ
 ID NO: 85, SEQ ID NO: 89, SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID
 NO: 95, SEQ ID NO: 97, SEQ ID NO: 99, SEQ ID NO: 101, SEQ ID NO:
 103, SEQ ID NO: 111, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 117, SEQ ID NO:
 25 119, SEQ ID NO: 131, SEQ ID NO: 133, SEQ ID NO: 135, SEQ ID NO:
 137 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für
 Polypeptide mit mindestens 40 % Identität auf Aminosäureebene mit
 SEQ ID NO: 2, SEQ ID NO: 4, SEQ ID NO: 6, SEQ ID NO: 8, SEQ ID
 NO: 10, SEQ ID NO: 12, SEQ ID NO: 14, SEQ ID NO: 16, SEQ ID NO:
 30 18, SEQ ID NO: 20, SEQ ID NO: 22, SEQ ID NO: 24, SEQ ID NO: 26,
 SEQ ID NO: 28, SEQ ID NO: 30, SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 34,
 SEQ ID NO: 36, SEQ ID NO: 38, SEQ ID NO: 40, SEQ ID NO: 42,
 SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50,
 35 SEQ ID NO: 52, SEQ ID NO: 54, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62,
 SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 70,
 SEQ ID NO: 72, SEQ ID NO: 74, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78,
 SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ
 ID NO: 88, SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 96, SEQ ID
 NO: 98, SEQ ID NO: 100, SEQ ID NO: 102, SEQ ID NO: 104, SEQ ID
 40 NO: 112, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 118, SEQ ID NO: 120, SEQ ID
 NO: 132, SEQ ID NO: 134, SEQ ID NO: 136, SEQ ID NO: 138 oder
 SEQ ID NO: 184 codieren und eine Δ -9-Elongase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -
 8-Desaturase-, Δ -6-Elongase-, Δ -5-Desaturase-, Δ -5-Elongase- oder Δ -
 4-Desaturaseaktivität aufweisen.

3. Verfahren nach Anspruch 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich in den Organismus eine Nukleinsäuresequenz eingebracht wird, die für Polypeptide mit ω 3-Desaturasaktivität codiert, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:
- 5 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Sequenz, oder
- 10 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- c) Derivate der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 codieren und eine ω 3-Desaturasaktivität aufweisen.
- 15 4. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 3, dadurch gekennzeichnet, dass zusätzlich in den Organismus eine Nukleinsäuresequenz eingebracht wird, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturasaktivität codiert, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:
- 20 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Sequenz, oder
- b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 25 c) Derivate der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 codieren und eine Δ -12-Desaturasaktivität aufweisen.
- 30 5. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R^2 oder R^3 unabhängig voneinander gesättigtes oder ungesättigtes C_{18} - C_{22} -Alkylcarbonyl- bedeuten.
6. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, dass die Substituenten R^2 oder R^3 unabhängig voneinander ungesättigtes C_{18} -, C_{20} - oder C_{22} -Alkylcarbonyl- mit mindestens zwei Doppelbindungen bedeuten.
- 35 7. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 6, dadurch gekennzeichnet, dass der transgene Organismus ein transgener Mikroorganismus oder eine transgene Pflanze ist.

8. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, dass der transgene Organismus eine Öl-produzierende Pflanze, eine Gemüsepflanze oder Zierpflanze ist.
- 5 9. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 8, dadurch gekennzeichnet, dass die transgene Organismus eine transgene Pflanze ausgewählt aus der Gruppe der Pflanzenfamilien: Adelotheceaceae, Anacardiaceae, Asteraceae, Apiaceae, Betulaceae, Boraginaceae, Brassicaceae, Bromeliaceae, Caricaceae, Cannabaceae, Convolvulaceae, Chenopodiaceae, Crypthecodiniaceae, Cucurbitaceae, Ditrachaceae, Elaeagnaceae, Ericaceae, Euphorbiaceae, Fabaceae, Geraniaceae, Gramineae, Juglandaceae, Lauraceae, Leguminosae, Linaceae oder Prasinophyceae ist.
- 10 10. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 9, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I aus dem Organismus in Form ihrer Öle, Lipide oder freien Fettsäuren isoliert werden.
- 15 11. Verfahren nach den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, dass die Verbindungen der allgemeinen Formel I in einer Konzentration von mindestens 5 Gew.-% bezogenen auf den gesamten Lipidgehalt des transgenen Organismus isoliert werden.
- 20 12. Öl, Lipide oder Fettsäuren oder eine Fraktion davon, hergestellt durch das Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11.
13. Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung, die PUFAs hergestellt nach einem Verfahren nach einem der Ansprüche 1 bis 11 umfasst und von transgenen Pflanzen stammt.
- 25 14. Verfahren zur Herstellung von Ölen, Lipiden oder Fettsäurezusammensetzungen durch Mischen von Öl, Lipide oder Fettsäuren gemäß Anspruch 12 oder Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung gemäß Anspruch 13 mit tierischen Ölen, Lipiden oder Fettsäuren.
- 30 15. Verwendung von Öl, Lipide oder Fettsäuren gemäß Anspruch 12 oder Öl-, Lipid- oder Fettsäurezusammensetzung gemäß Anspruch 13 oder Ölen, Lipiden oder Fettsäurezusammensetzungen hergestellt gemäß Anspruch 14 in Futter, Nahrungsmitteln, Kosmetika oder Pharmazeutika.
- 35 16. Isolierte Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codiert und die eine Aminosäuresequenz enthält ausgewählt aus der Gruppe einer Aminosäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 140, SEQ ID NO: 141 oder SEQ ID NO: 142 dargestellten Sequenz.

17. Isolierte Nukleinsäuresequenz gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codiert, eine Kombination der Aminosäuresequenzen enthält ausgewählt aus der Gruppe:

- 5 a) SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 139, SEQ ID NO: 115 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140; oder
- b) SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 141, SEQ ID NO: 116 und SEQ ID NO: 142 oder SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142; oder
- 10 c) SEQ ID NO: 115, SEQ ID NO: 139 und SEQ ID NO: 140 oder SEQ ID NO: 116, SEQ ID NO: 141 und SEQ ID NO: 142.

18. Isolierte Nukleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 16 oder 17, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codieren, dadurch gekennzeichnet, dass die Nukleinsäuresequenz ausgewählt ist aus der Gruppe:

- 15 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Sequenz,
- 20 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 oder SEQ ID NO: 134 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
- 25 c) Derivate der in SEQ ID NO: 43, SEQ ID NO: 45, SEQ ID NO: 47, SEQ ID NO: 49, SEQ ID NO: 59, SEQ ID NO: 61, SEQ ID NO: 63, SEQ ID NO: 65, SEQ ID NO: 67, SEQ ID NO: 75, SEQ ID NO: 77, SEQ ID NO: 79, SEQ ID NO: 83, SEQ ID NO: 85, SEQ ID NO: 113, SEQ ID NO: 131 oder SEQ ID NO: 133 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 44, SEQ ID NO: 46, SEQ ID NO: 48, SEQ ID NO: 50, SEQ ID NO: 60, SEQ ID NO: 62, SEQ ID NO: 64, SEQ ID NO: 66, SEQ ID NO: 68, SEQ ID NO: 76, SEQ ID NO: 78, SEQ ID NO: 80, SEQ ID NO: 84, SEQ ID NO: 86, SEQ ID NO: 114, SEQ ID NO: 132 oder SEQ ID NO: 134 codieren und eine Δ -5-Elongaseaktivität aufweisen.
- 30
- 35

19. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -6-Elongaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Sequenz,
 - 5 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - 10 c) Derivate der in SEQ ID NO: 69, SEQ ID NO: 81, SEQ ID NO: 111 oder SEQ ID NO: 183 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 70, SEQ ID NO: 82, SEQ ID NO: 112 oder SEQ ID NO: 184 codieren und eine Δ -6-Elongaseaktivität aufweisen.
20. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit ω -3-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- 15 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Sequenz,
 - b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - 20 c) Derivate der in SEQ ID NO: 87 oder SEQ ID NO: 105 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 60 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 88 oder SEQ ID NO: 106 aufweisen und eine ω -3-Desaturaseaktivität aufweisen.
- 25
21. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -6-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 89 oder in SEQ ID NO: 97 dargestellten Sequenz,
 - 30 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - c) Derivate der in SEQ ID NO: 89 oder SEQ ID NO: 97 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 90 oder SEQ ID NO: 98 codieren und eine Δ -6-Desaturaseaktivität aufweisen.
- 35

22. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -5-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Sequenz,
 - 5 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - 10 c) Derivate der in SEQ ID NO: 91, SEQ ID NO: 93, SEQ ID NO: 99 oder in SEQ ID NO: 101 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 92, SEQ ID NO: 94, SEQ ID NO: 100 oder in SEQ ID NO: 102 codieren und eine Δ -5-Desaturaseaktivität aufweisen.
23. Isolierte Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide mit Δ -4-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe:
- 15 a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 95 oder in SEQ ID NO: 103 dargestellten Sequenz,
 - b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - 20 c) Derivate der in SEQ ID NO: 95 oder SEQ ID NO: 103 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 40 % Homologie auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 96 oder SEQ ID NO: 104 codieren und eine Δ -4-Desaturaseaktivität aufweisen.
- 25 24. Isolierte Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit Δ -12-Desaturaseaktivität codieren, ausgewählt aus der Gruppe bestehend aus:
- a) einer Nukleinsäuresequenz mit der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Sequenz, oder
 - 30 b) Nukleinsäuresequenzen, die sich als Ergebnis des degenerierten genetischen Codes von der in SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 dargestellten Aminosäuresequenz ableiten lassen, oder
 - 35 c) Derivate der in SEQ ID NO: 107 oder SEQ ID NO: 109 dargestellten Nukleinsäuresequenz, die für Polypeptide mit mindestens 50 % Identität auf Aminosäureebene mit SEQ ID NO: 108 oder SEQ ID NO: 110 codieren und eine Δ -12-Desaturaseaktivität aufweisen.

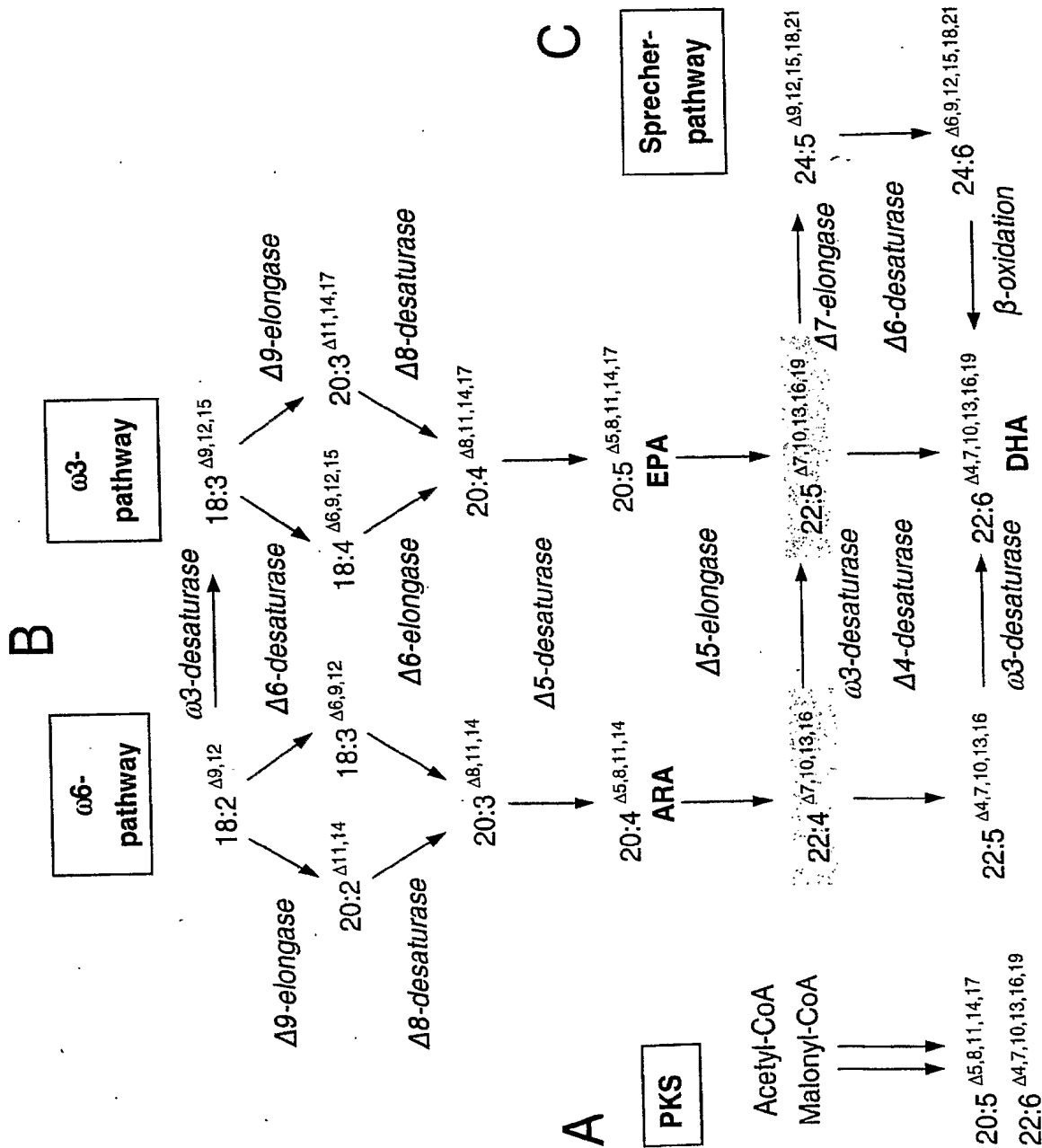
25. Isolierte Nukleinsäuresequenz nach den Ansprüchen 16 bis 24, wobei die Sequenz von einer Alge, einem Pilz, einem Mikroorganismus, einer Pflanze oder einem nicht-humanen Tier stammt.
- 5 26. Isolierte Nukleinsäuresequenz nach den Ansprüchen 16 bis 25, wobei die Sequenz aus der Ordnung Salmoniformes, den Diatomeengattungen Thalassiosira oder Crythecodinium oder aus der Familie der Prasinophyceae, Euglenaceae oder Pythiaceae stammt.
27. Aminosäuresequenz, die von einer isolierten Nukleinsäuresequenz nach einem der Ansprüche 16 bis 26 codiert wird.
- 10 28. Genkonstrukt, enthaltend eine isolierte Nukleinsäure nach einem der Ansprüche 16 bis 26, wobei die Nukleinsäure funktionstüchtig mit einem oder mehreren Regulationssignalen verbunden ist.
- 15 29. Genkonstrukt nach Anspruch 28, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe Acyl-CoA-Dehydrogenase(n), Acyl-ACP[= acyl carrier protein]-Desaturase(n), Acyl-ACP-Thioesterase(n), Fettsäure-Acyl-Transferase(n), Acyl-CoA:Lysophospholipid-Acyltransferase(n), Fettsäure-Synthase(n), Fettsäure-Hydroxylase(n), Acetyl-Coenzym A-Carboxylase(n), Acyl-Coenzym A-Oxidase(n), Fettsäure-Desaturase(n), 20 Fettsäure-Acetylenasen, Lipoxygenasen, Triacylglycerol-Lipasen, Allenoxid-Synthasen, Hydroperoxid-Lyasen oder Fettsäure-Elongase(n).
30. Genkonstrukt nach Anspruch 28 oder 29, dadurch gekennzeichnet, dass das Nukleinsäurekonstrukt zusätzliche Biosynthesegene des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels enthält ausgewählt aus der Gruppe der Δ -4-Desaturase-, 25 Δ -5-Desaturase-, Δ -6-Desaturase-, Δ -8-Desaturase-, Δ -9-Desaturase-, Δ -12-Desaturase-, Δ -6-Elongase- oder Δ -9-Elongase.
31. Vektor, enthaltend eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 16 bis 26 oder ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 28 bis 30.
- 30 32. Transgener nicht-humaner Organismus, enthaltend mindestens eine Nukleinsäure nach den Ansprüchen 16 bis 26, ein Genkonstrukt nach den Ansprüchen 28 bis 30 oder einen Vektor nach Anspruch 31.
33. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 32, wobei der Organismus ein Mikroorganismus, ein nicht-humanes Tier oder eine Pflanze ist.
- 35 34. Transgener nicht-humaner Organismus nach Anspruch 32 oder 33, wobei der Organismus eine Pflanze ist.

Verfahren zur Herstellung mehrfach ungesättigter Fettsäuren in transgenen Organismen

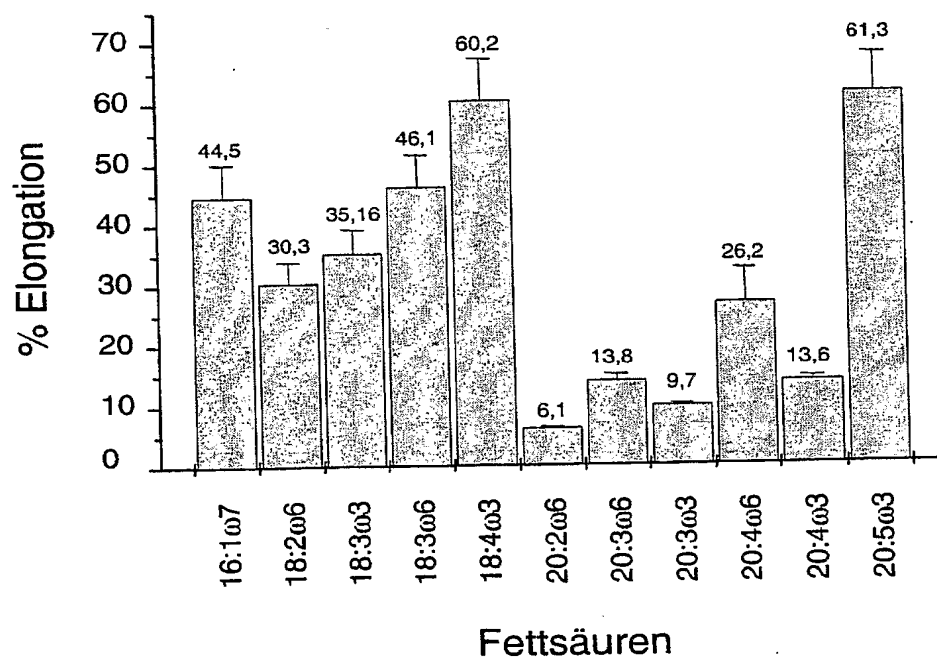
Zusammenfassung

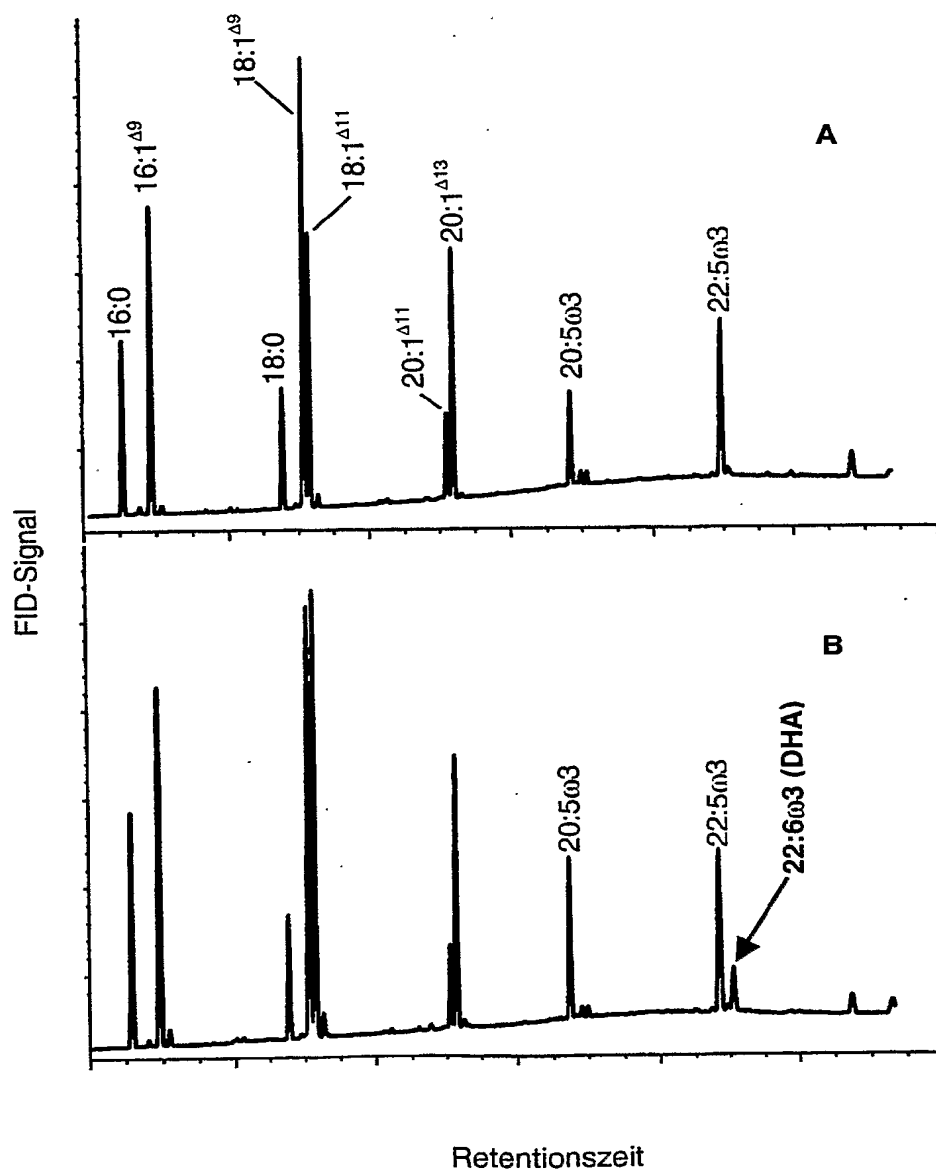
- Die vorliegende Erfindung betrifft ein Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in einem Organismus, indem Nukleinsäuren in den Organismus eingebracht werden, die für Polypeptide mit Δ -5-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft können diese Nukleinsäuresequenzen gegebenenfalls zusammen mit weiteren Nukleinsäuresequenzen, die für Polypeptide der Biosynthese des Fettsäure- oder Lipidstoffwechsels codieren, in dem Organismus exprimiert werden. Besonders vorteilhaft sind Nukleinsäuresequenzen, die für eine Δ -6-Desaturase-, eine Δ -5-Desaturase-, Δ -4-Desaturase- und/oder Δ -6-Elongaseaktivität codieren. Vorteilhaft stammen diese Desaturasen und Elongasen aus *Thalassiosira*, *Euglena* oder *Ostreococcus*. Weiterhin betrifft die Erfindung ein Verfahren zur Herstellung von Ölen und/oder Triacylglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an langkettigen mehrfach ungesättigten Fettsäuren.
- Die vorliegende Erfindung betrifft außerdem in einer bevorzugten Ausführungsform ein Verfahren zur Herstellung von ungesättigten ω -3 Fettsäuren sowie ein Verfahren zur Herstellung von Triglyceriden mit einem erhöhten Gehalt an ungesättigten Fettsäuren, besonders von ω -3 Fettsäuren mit mehr als drei Doppelbindungen. Die Erfindung betrifft die Herstellung eines transgenen Organismus bevorzugt einer transgenen Pflanze oder eines transgenen Mikroorganismus mit erhöhtem Gehalt an ungesättigten ω -3-Fettsäuren, Ölen oder Lipiden mit ω -3-Doppelbindungen aufgrund der Expression der im erfindungsgemäßen Verfahren verwendeten Elongasen und Desaturasen vorteilhaft in Verbindung mit ω -3-Desaturasen z.B. einer ω -3-Desaturase aus Pilzen der Familie Pythiaceae wie der Gattung Phytophthora beispielsweise der Gattung und Art *Phytophthora infestans* oder einer ω -3-Desaturase aus Algen wie der Familie der Prasinophyceae z.B. der Gattung *Ostreococcus* speziell der Gattung und Art *Ostreococcus tauri* oder Diatomeen wie der Gattung *Thalassiosira* speziell der Gattung und Art *Thalassiosira pseudonana*.
- Die Erfindung betrifft weiterhin die Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte, Vektoren und Organismen enthaltend die erfindungsgemäßen Nukleinsäuresequenzen, Vektoren enthaltend die Nukleinsäuresequenzen und/oder die Nukleinsäurekonstrukte sowie transgene Organismen enthalten die vorgenannten Nukleinsäuresequenzen, Nukleinsäurekonstrukte und/oder Vektoren.
- Ein weiterer Teil der Erfindung betrifft Öle, Lipide und/oder Fettsäuren hergestellt nach dem erfindungsgemäßen Verfahren und deren Verwendung. Außerdem betrifft die Erfindung ungesättigte Fettsäuren sowie Triglyceride mit einem erhöhten Gehalt an ungesättigten Fettsäuren und deren Verwendung.

Figur 1: Verschiedene Synthese-Wege zur Biosynthese von DHA (Docosahexaensäure)

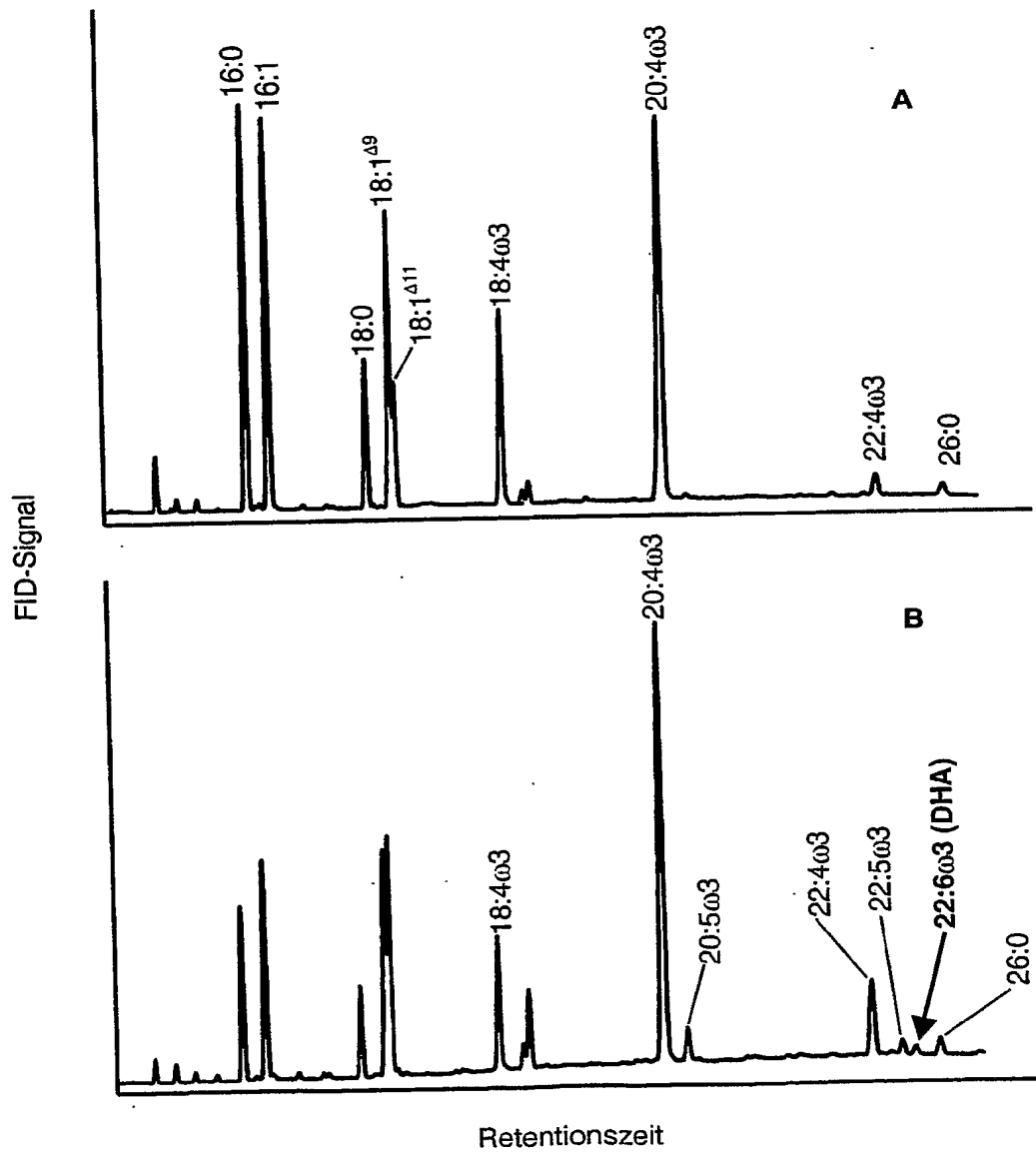


Figur 2: Substratspezifität der Δ -5-Elongase (SEQ ID NO: 53) gegenüber verschiedenen Fettsäuren



Figur 3: Rekonstitution der DHA-Biosynthese in Hefe ausgehend von 20:5 ω 3.

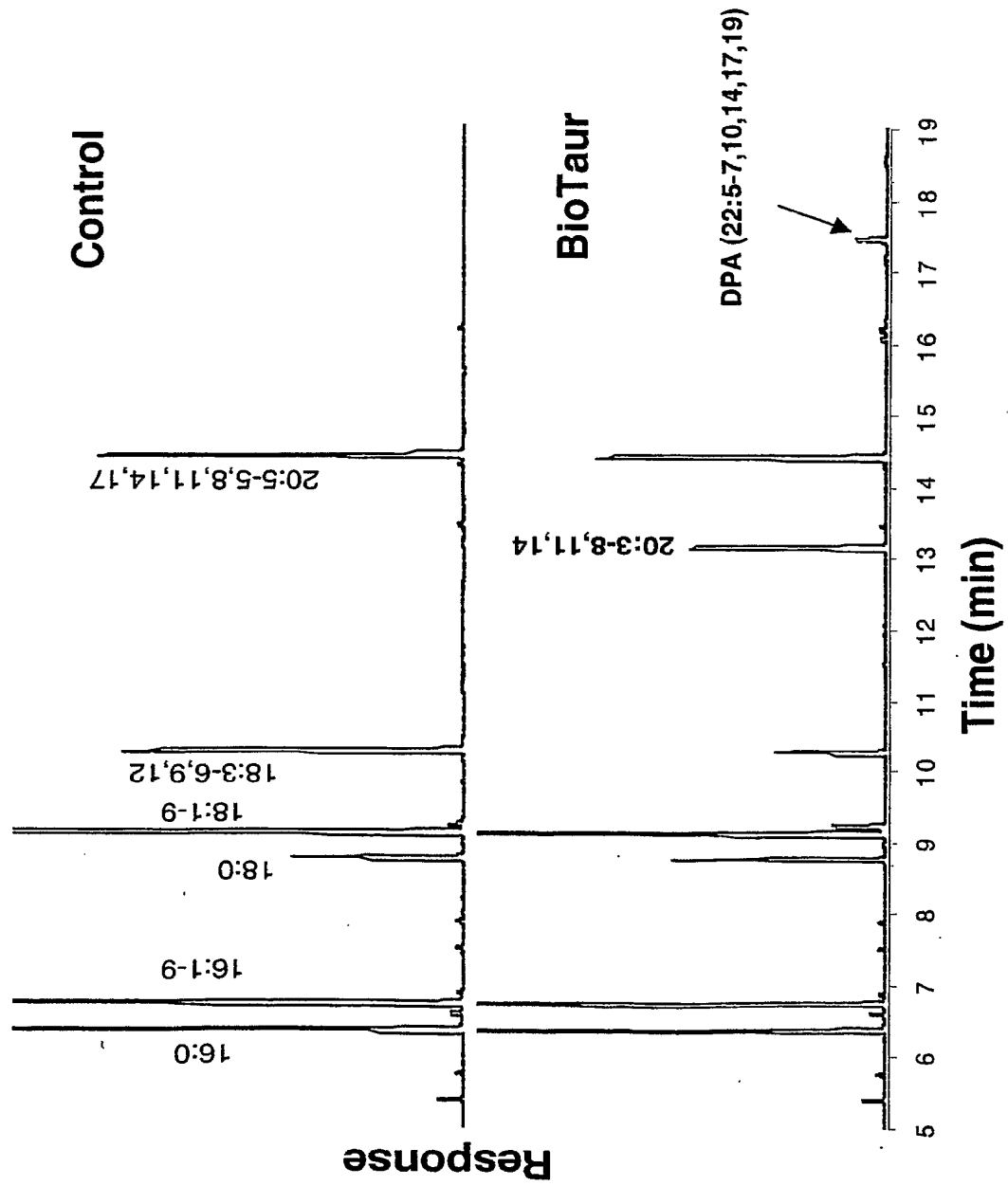
Figur 4: Rekonstitution der DHA-Biosynthese in Hefe ausgehend von 18:4 ω 3.



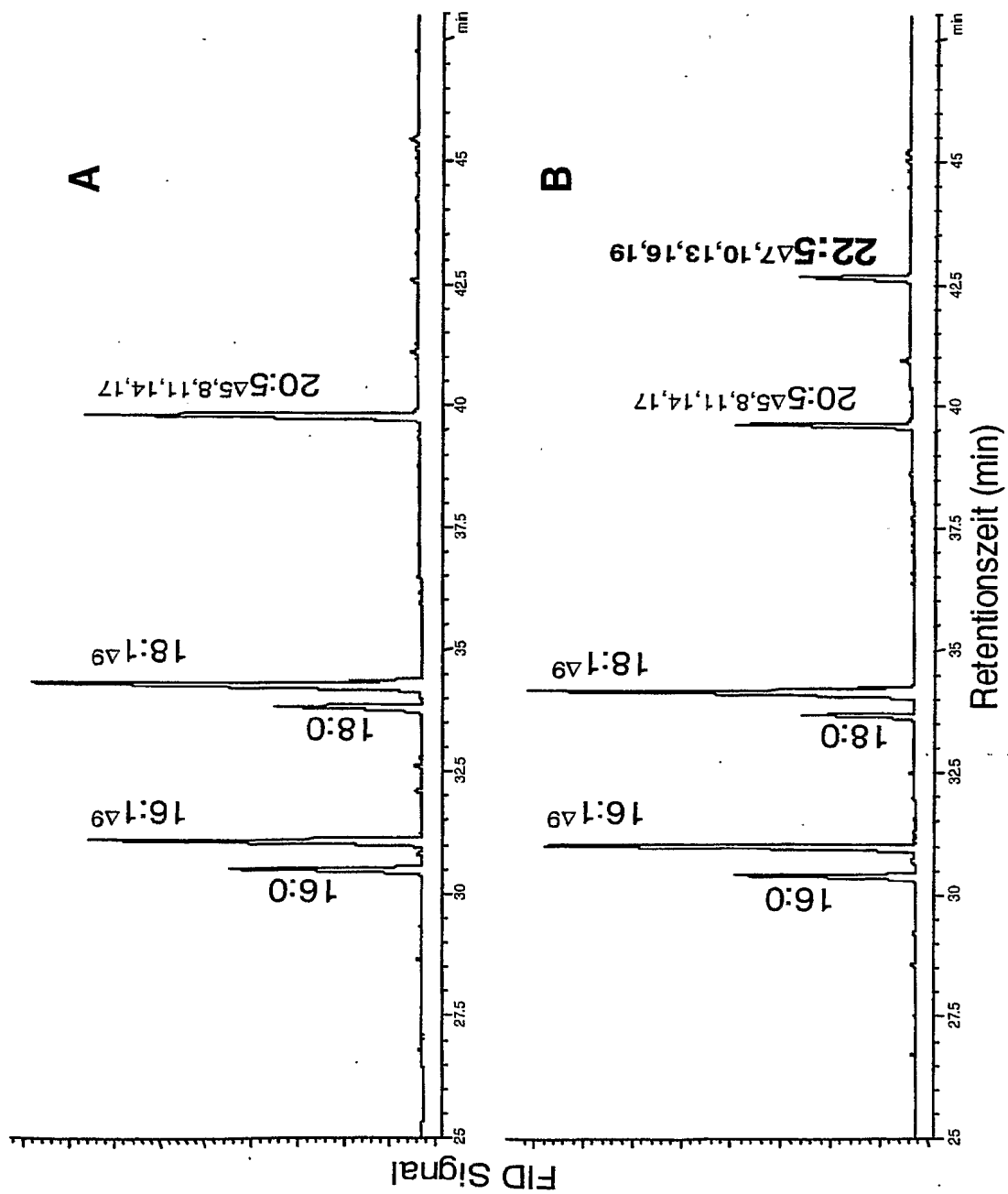
Figur 5: Fettsäure-Zusammensetzung (in Mol %) transgener Hefen, die mit den Vektoren pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4 oder pYes3-OmELO3/pYes2-EgD4+pESCLEu-PtD5 transformiert worden waren. Die Hefezellen wurden in Minimalmedium ohne Tryptophan und Uracil / und Leucin in Gegenwart von 250 μ M 20:5 ^{Δ 5,8,11,14,17} bzw. 18:4 ^{Δ 6,9,12,15} kultiviert. Die Fettsäuremethylester wurden durch saure Methanolyse aus Zellsedimenten gewonnen und über GLC analysiert. Jeder Wert gibt den Mittelwert (n=4) \pm Standardabweichung wieder.

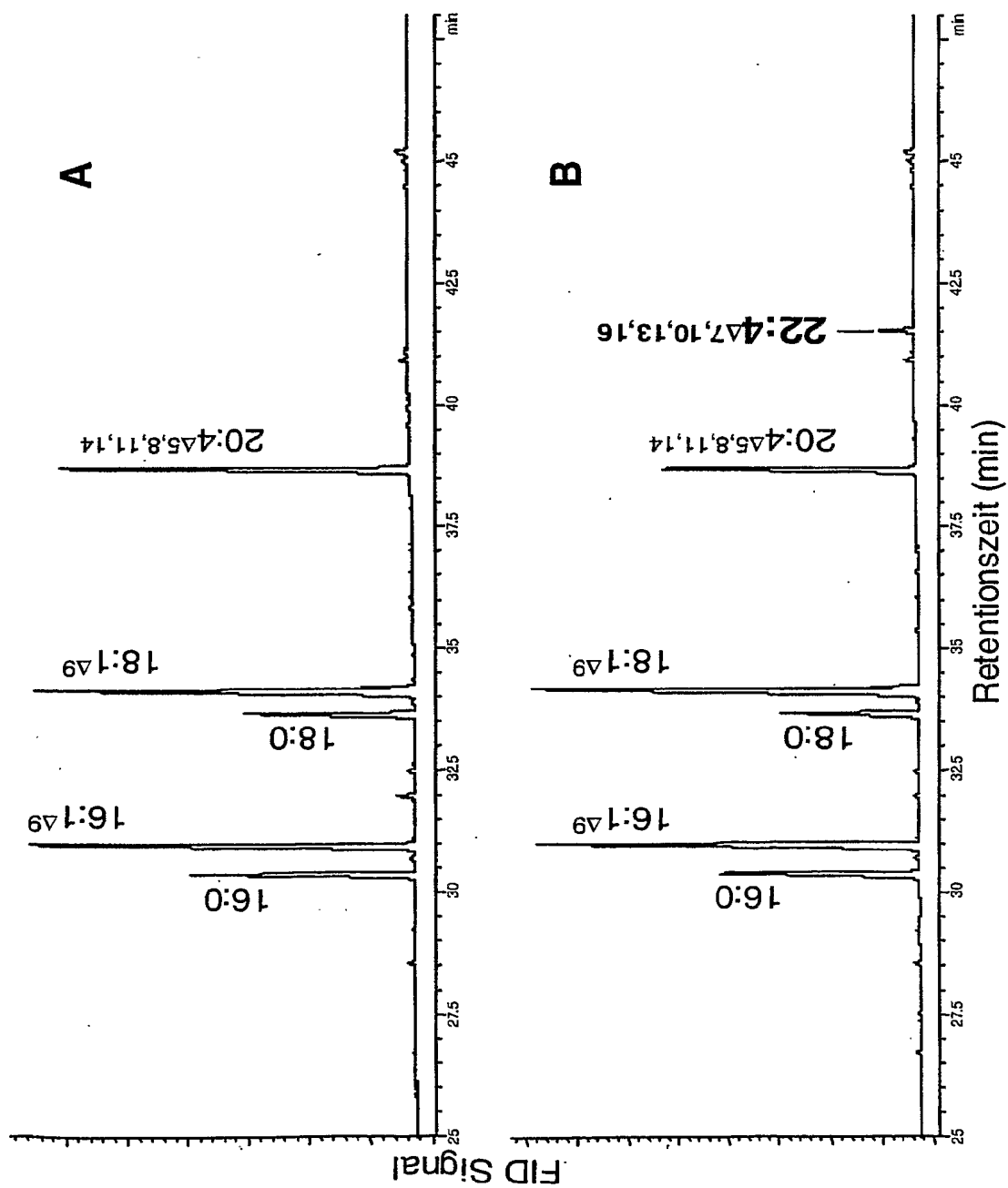
	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4	pYes3-OmELO/pYes2-EgD4 EgD4 + pESCLEu-PtD5
Fettsäuren	Fütterung mit 20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	Fütterung mit 18:4 ^{Δ6,9,12,15}
16:0	9,35 \pm 1,61	7,35 \pm 1,37
16:1 ^{Δ9}	14,70 \pm 2,72	10,02 \pm 1,81
18:0	5,11 \pm 1,09	4,27 \pm 1,21
18:1 ^{Δ9}	19,49 \pm 3,01	10,81 \pm 1,95
18:1 ^{Δ11}	18,93 \pm 2,71	11,61 \pm 1,48
18:4 ^{Δ6,9,12,15}	-	7,79 \pm 1,29
20:1 ^{Δ11}	3,24 \pm 0,41	1,56 \pm 0,23
20:1 ^{Δ13}	11,13 \pm 2,07	4,40 \pm 0,78
20:4 ^{Δ8,11,14,17}	-	30,05 \pm 3,16
20:5 ^{Δ5,8,11,14,17}	6,91 \pm 1,10	3,72 \pm 0,59
22:4 ^{Δ10,13,16,17}	-	5,71 \pm 1,30
22:5 ^{Δ7,10,13,16,19}	8,77 \pm 1,32	1,10 \pm 0,27
22:6 ^{Δ4,7,10,13,16,19}	2,73 \pm 0,39	0,58 \pm 0,10

Figur 6: Fütterungsexperiment zur Bestimmung der Funktionalität und Substratspezifität mit Hefestämmen



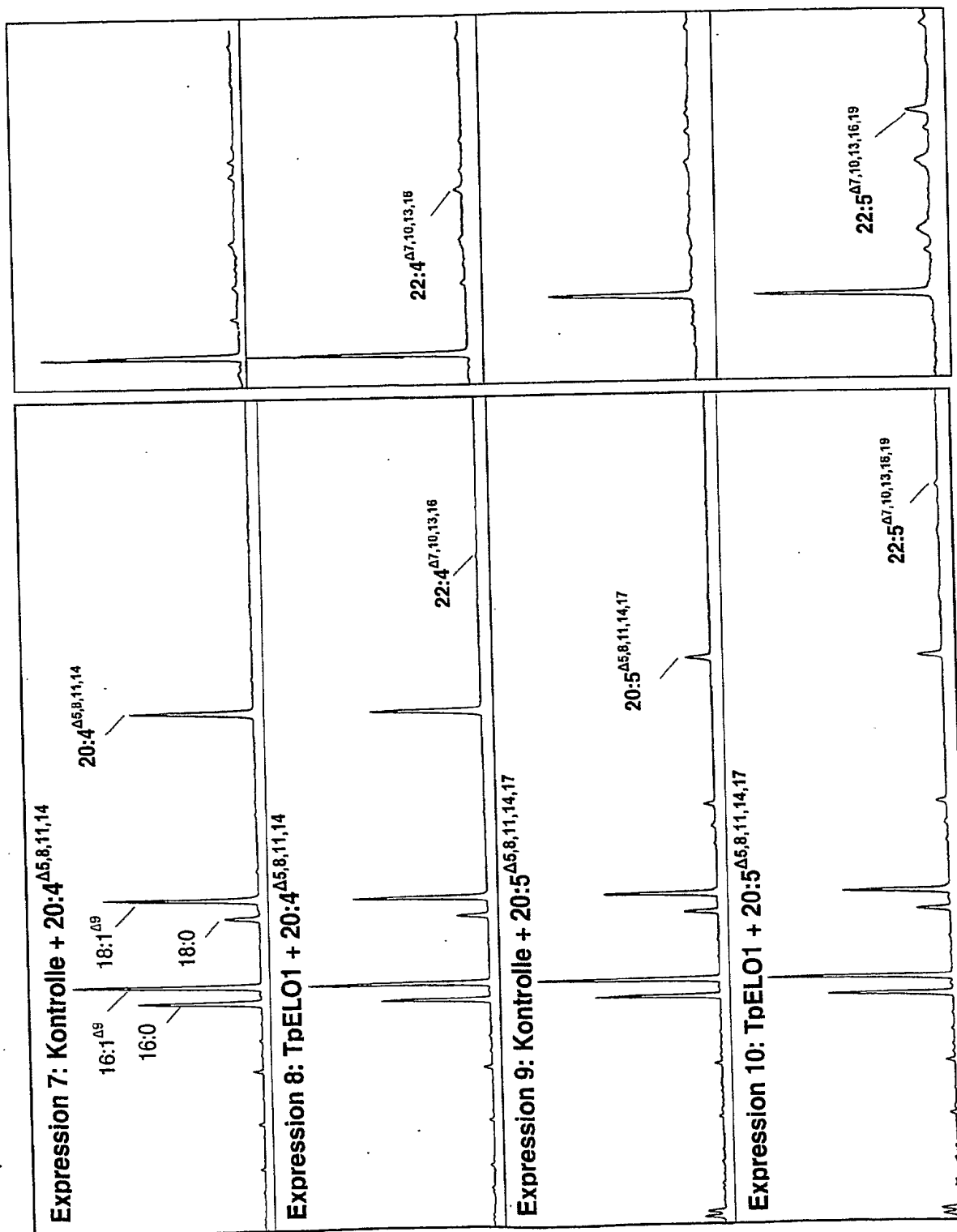
Figur 7: Elongation von Eicosapentaensäure durch OtElo1



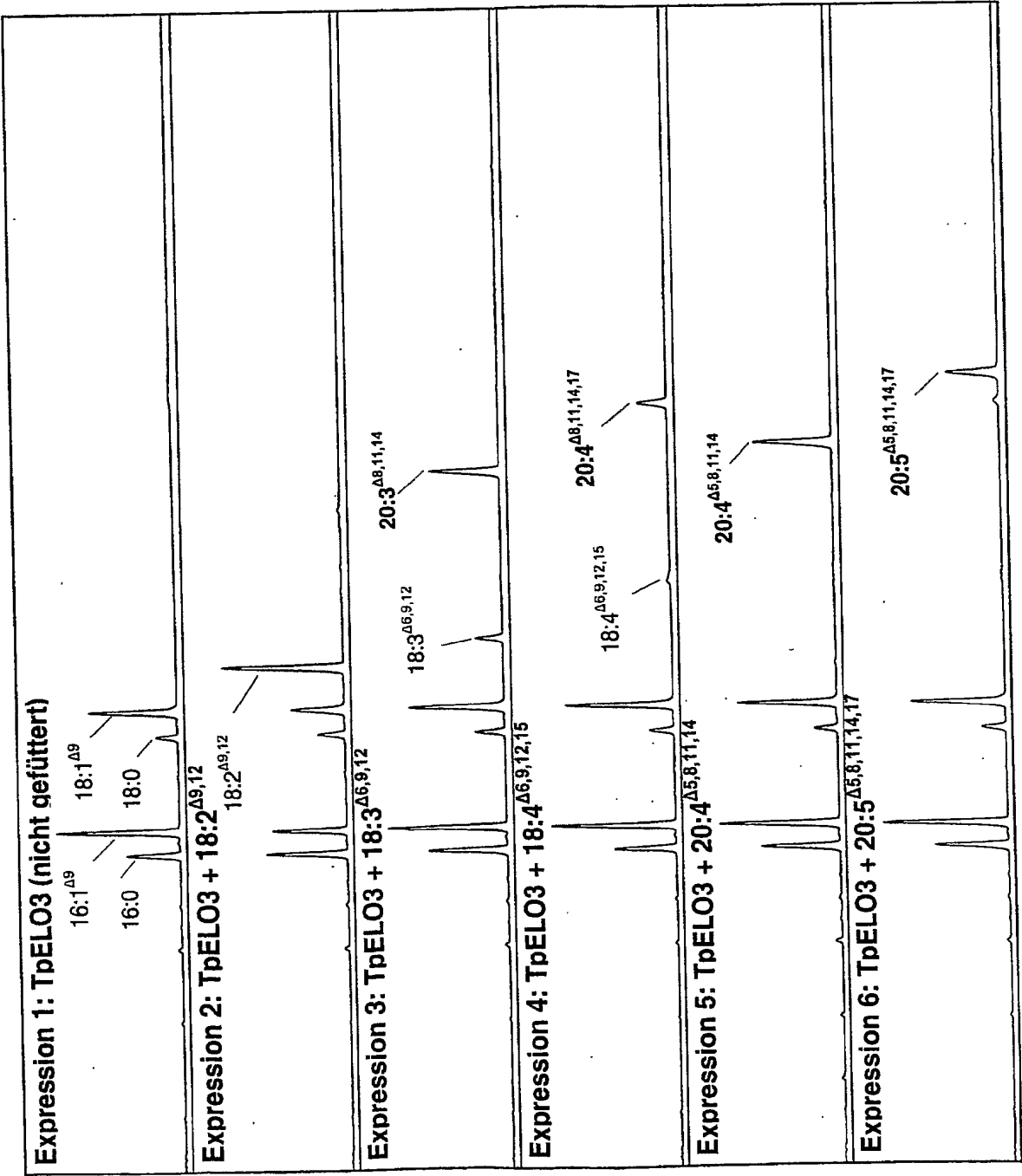


Figur 8: Elongation von Arachidonsäure durch Otlol1

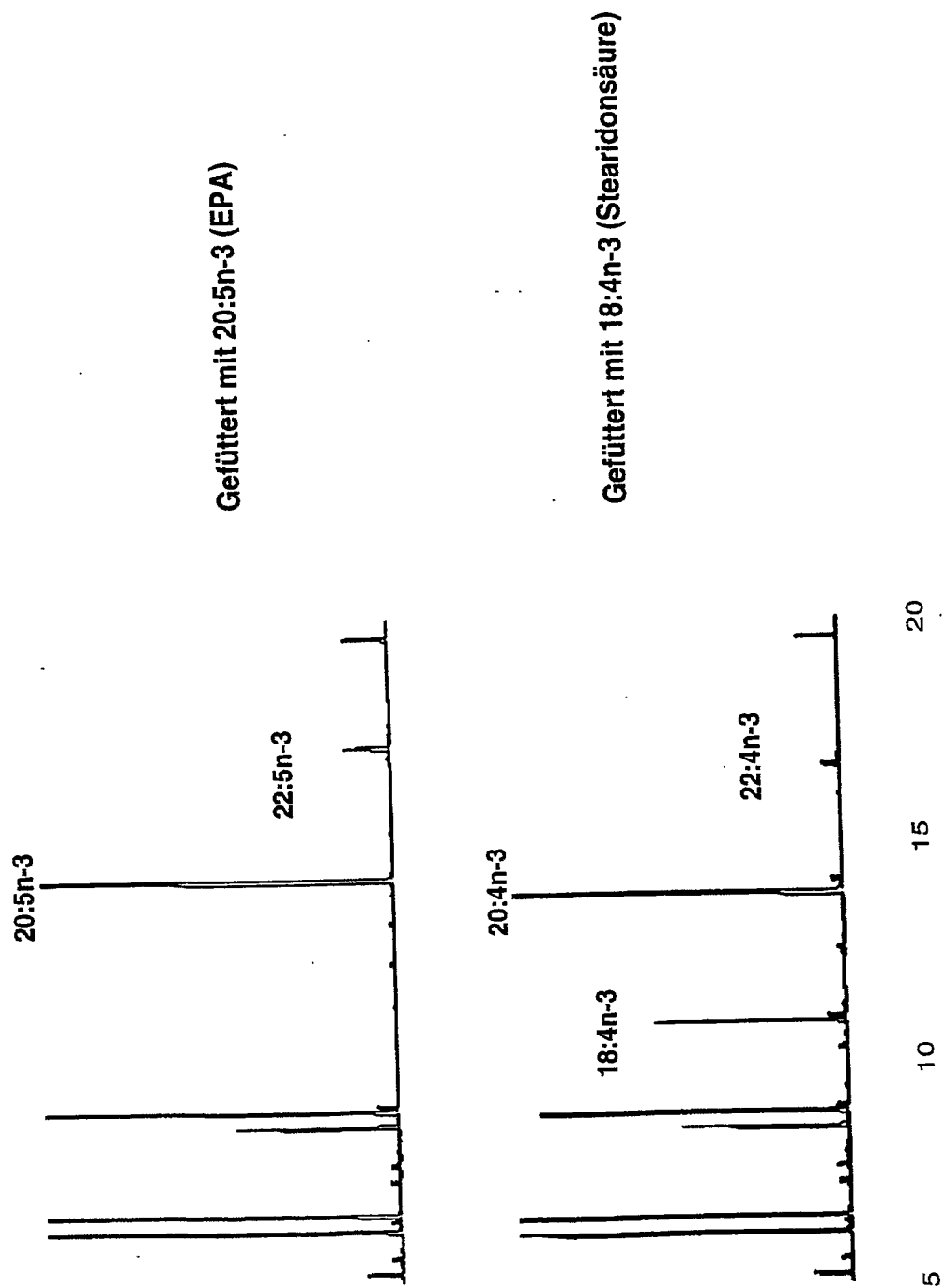
Figur 9: Expression von TpELO1 in Hefe



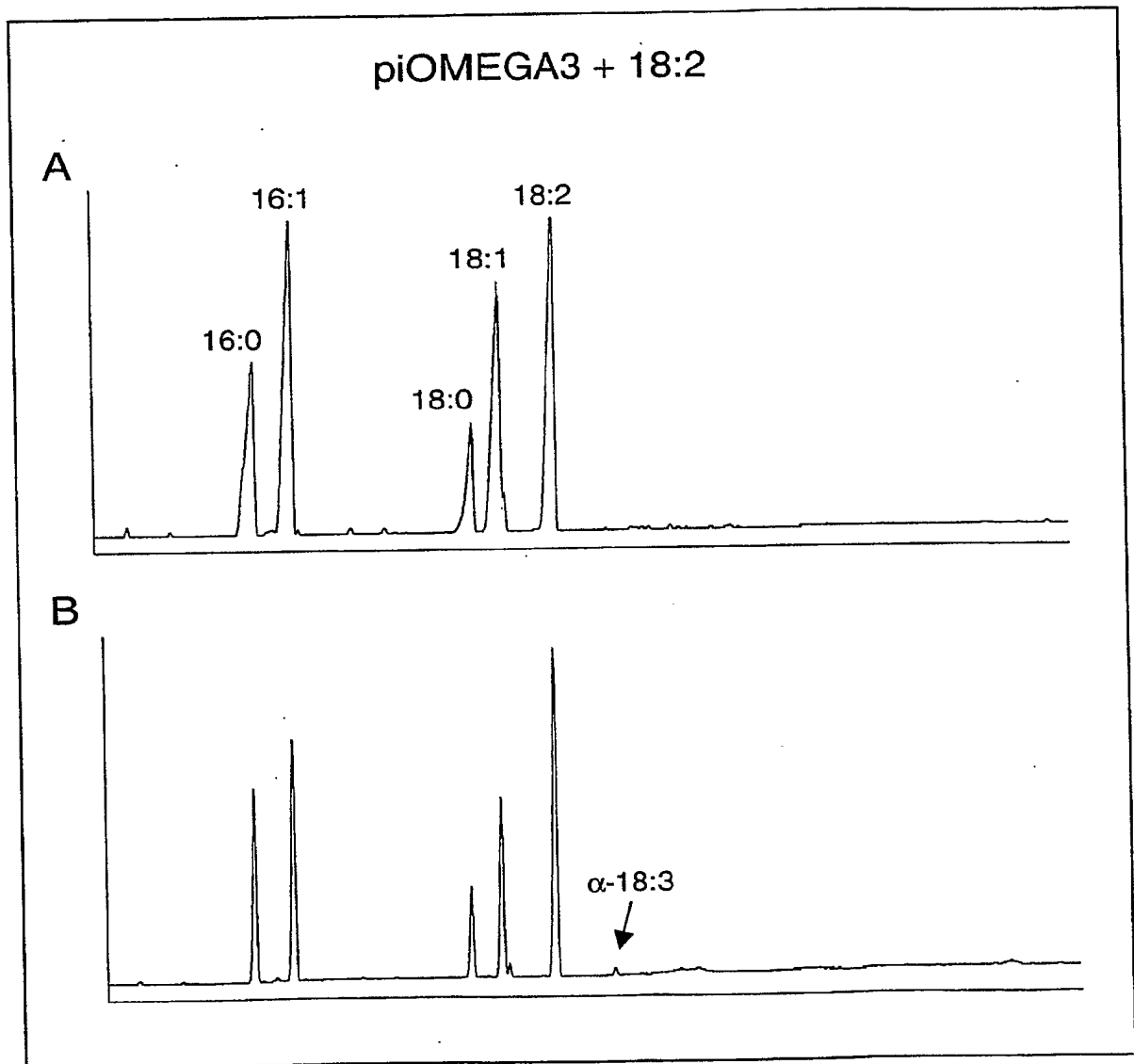
Figur 10: Expression von TpELO3 in Hefe.



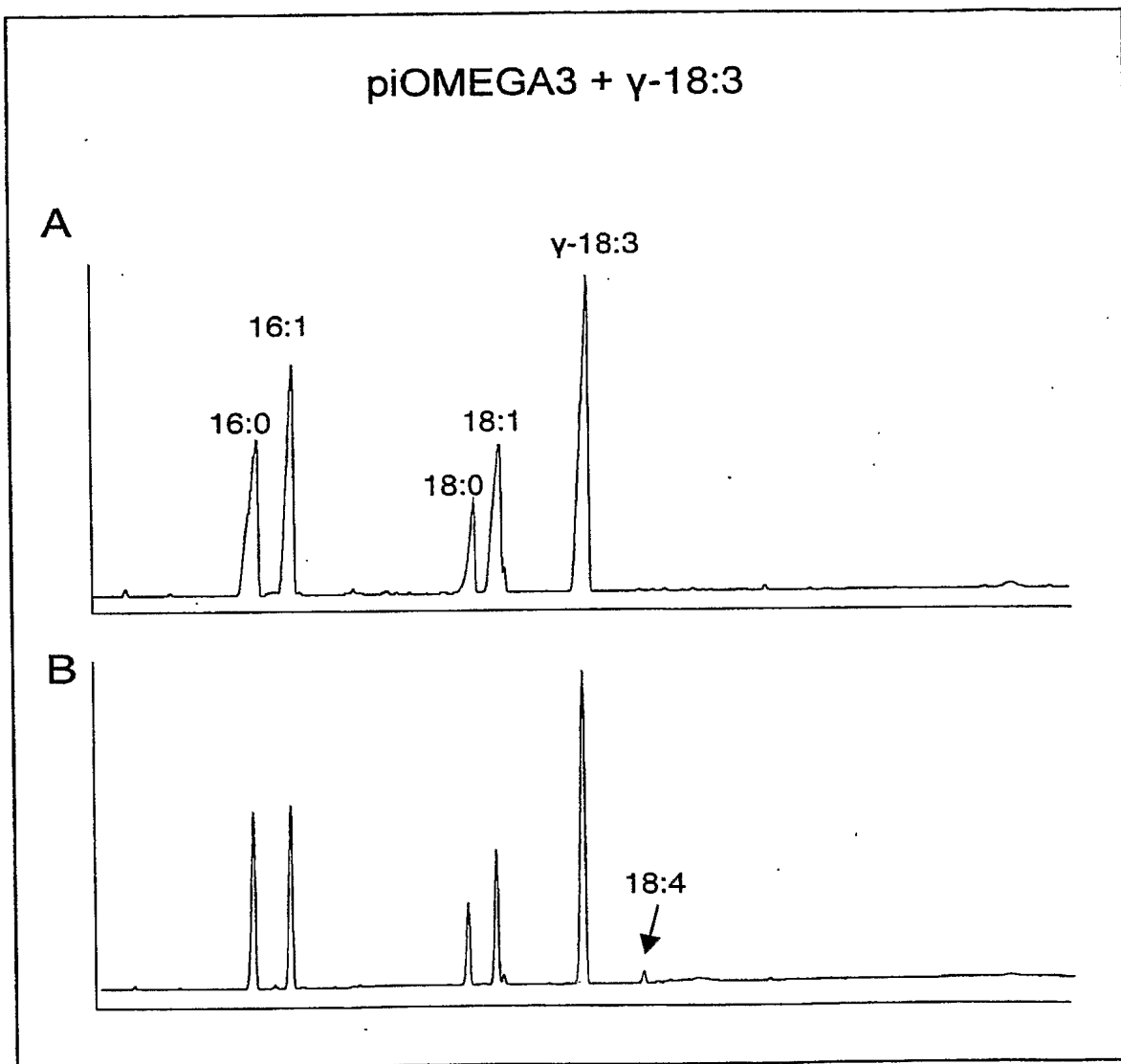
Figur 11: Expression von Thraustochytrium $\Delta 5$ -Elongase TL16/pYES2.1 in Hefe.



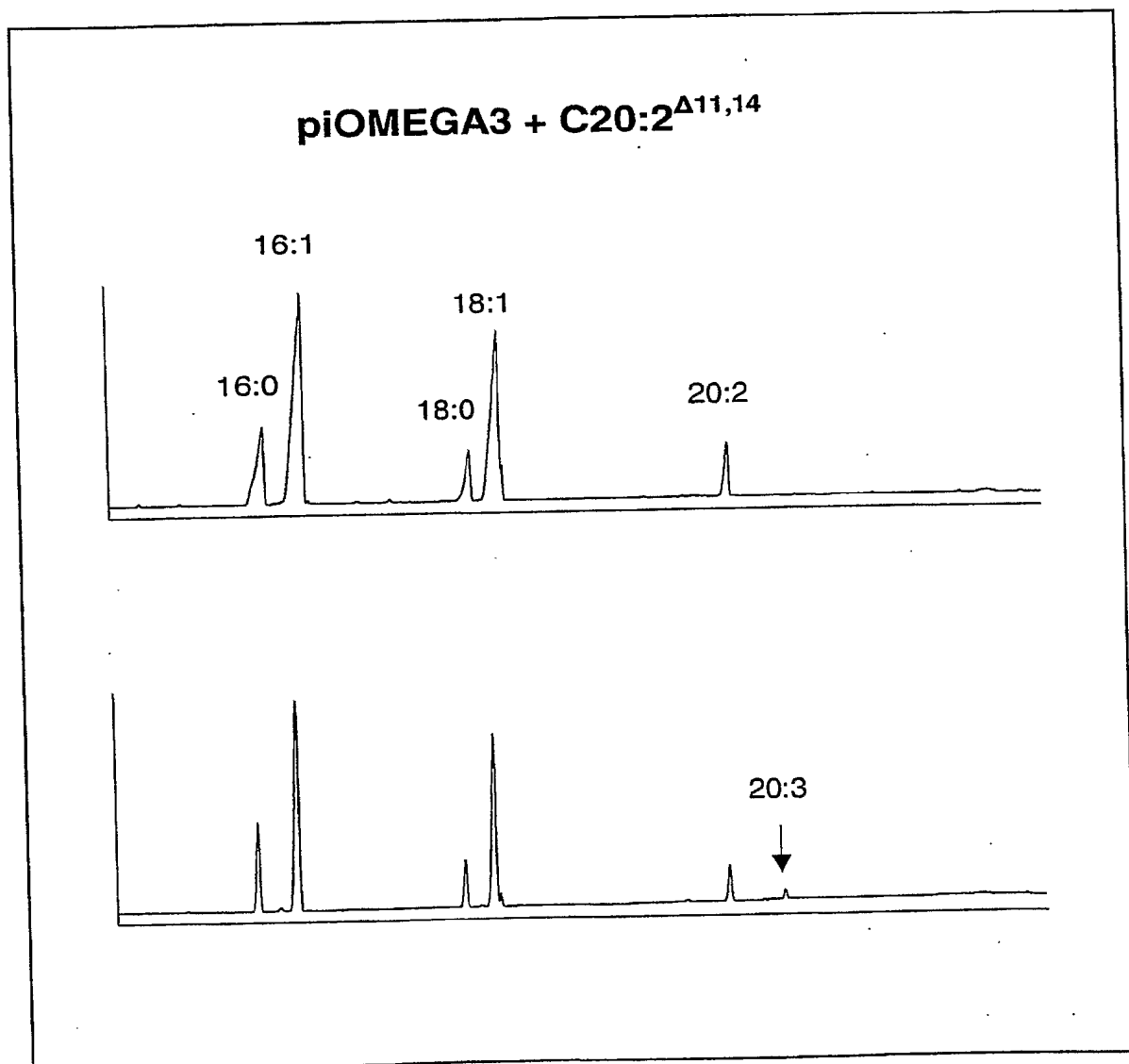
Figur 12: Desaturierung von Linolsäure (18:2 ω -6-Fettsäure) zu α -Linolensäure (18:3 ω -3-Fettsäure) durch Pi-omega3Des.



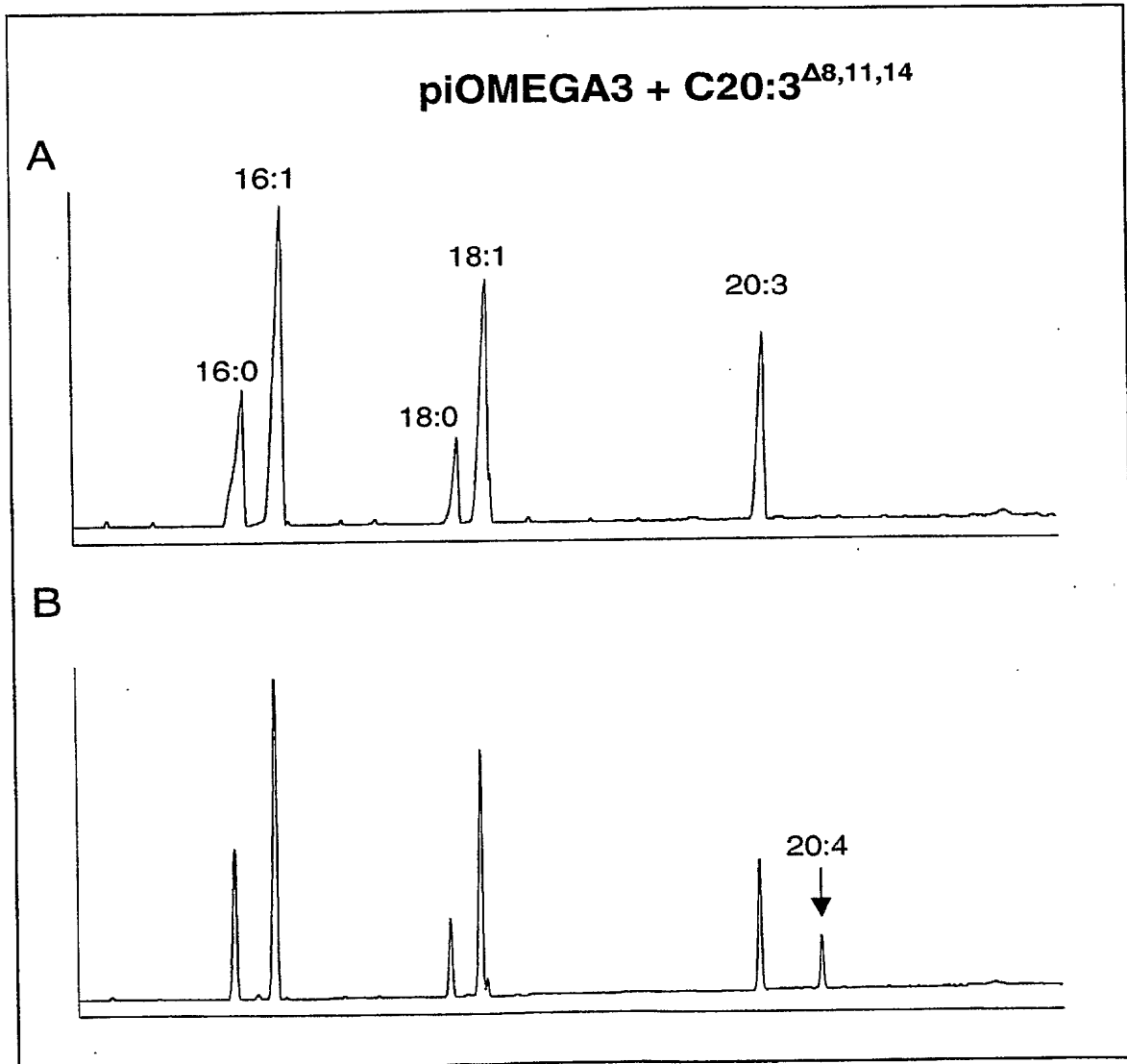
Figur 13: Desaturierung von γ -Linolensäure (18:3 ω -6-Fettsäure) zu Stearidonsäure (18:4 ω -3-Fettsäure) durch Pi-omega3Des.



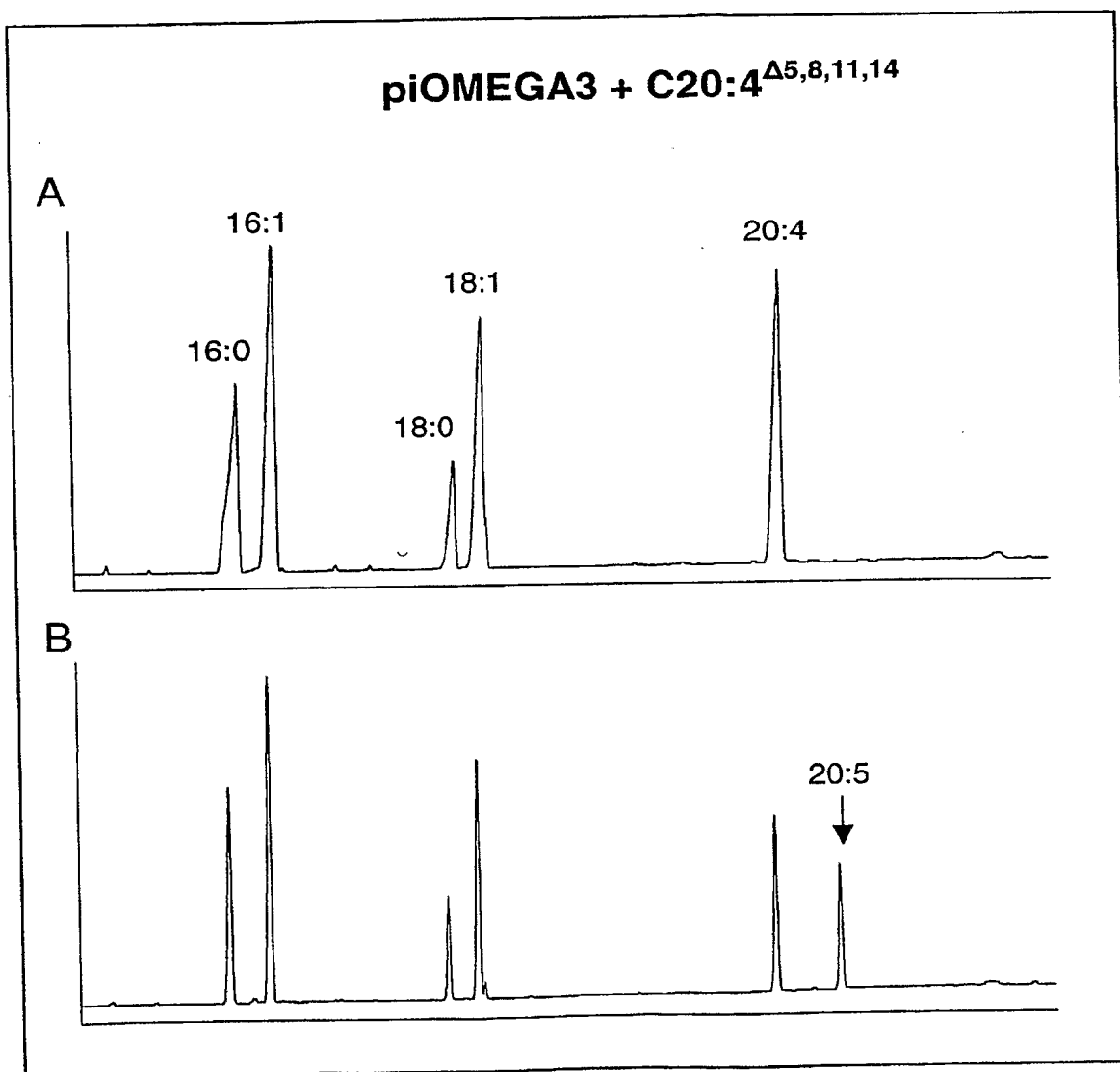
Figur 14: Desaturierung von C20:2 ω -6-Fettsäure zu C20:3 ω -3-Fettsäure durch Pi-omega3Des.



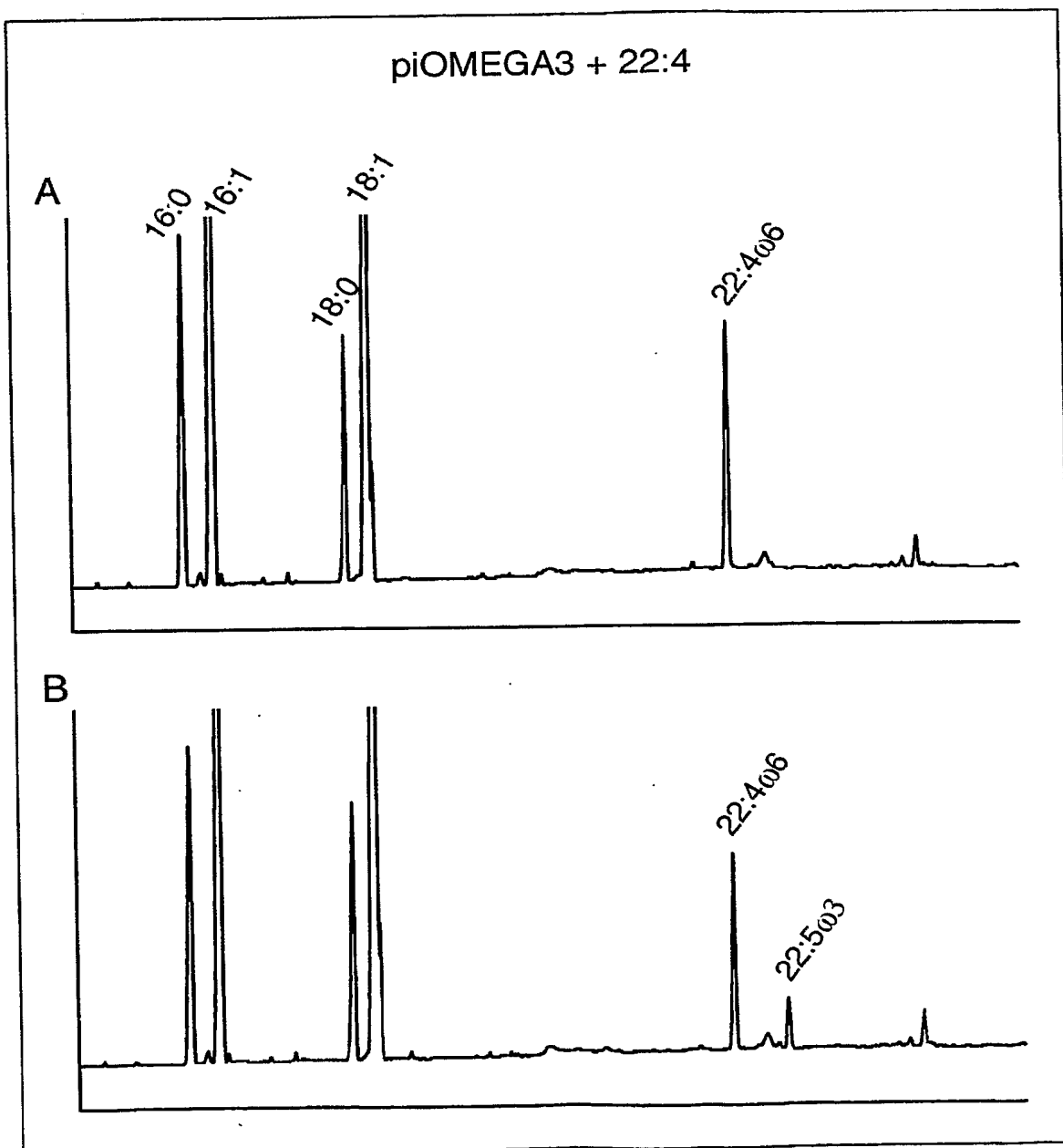
Figur 15: Desaturierung von C20:3- ω -6-Fettsäure zu C20:4- ω -3-Fettsäure durch Pi-omega3Des.



Figur 16: Desaturierung von Arachidonsäure (C20:4- ω -6-Fettsäure) zu Eicosapentaensäure (C20:5- ω -3-Fettsäure) durch die Pi-omega3Des.

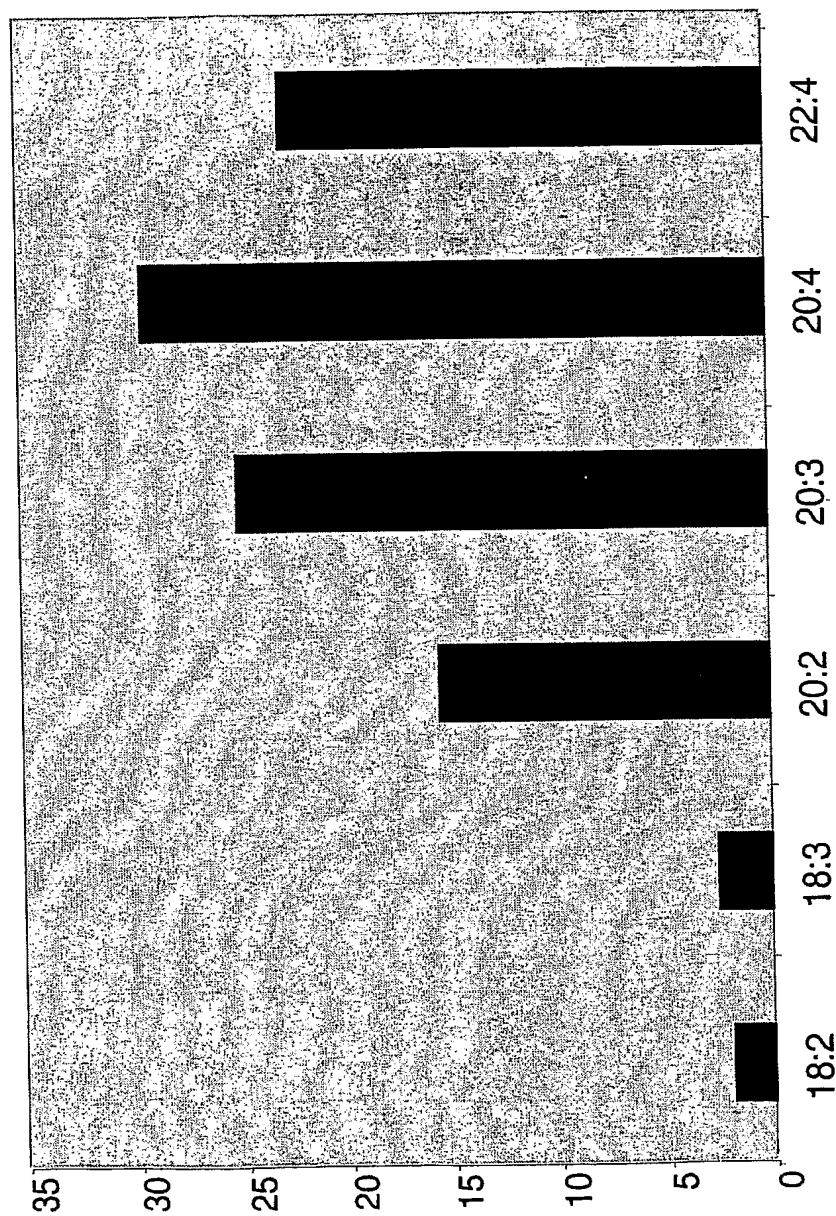


Figur 17: Desaturierung von Docosatetraensäure (C22:4- ω -6-Fettsäure) zu Docosapentaensäure (C22:5- ω -3-Fettsäure) durch Pi-omega3Des.

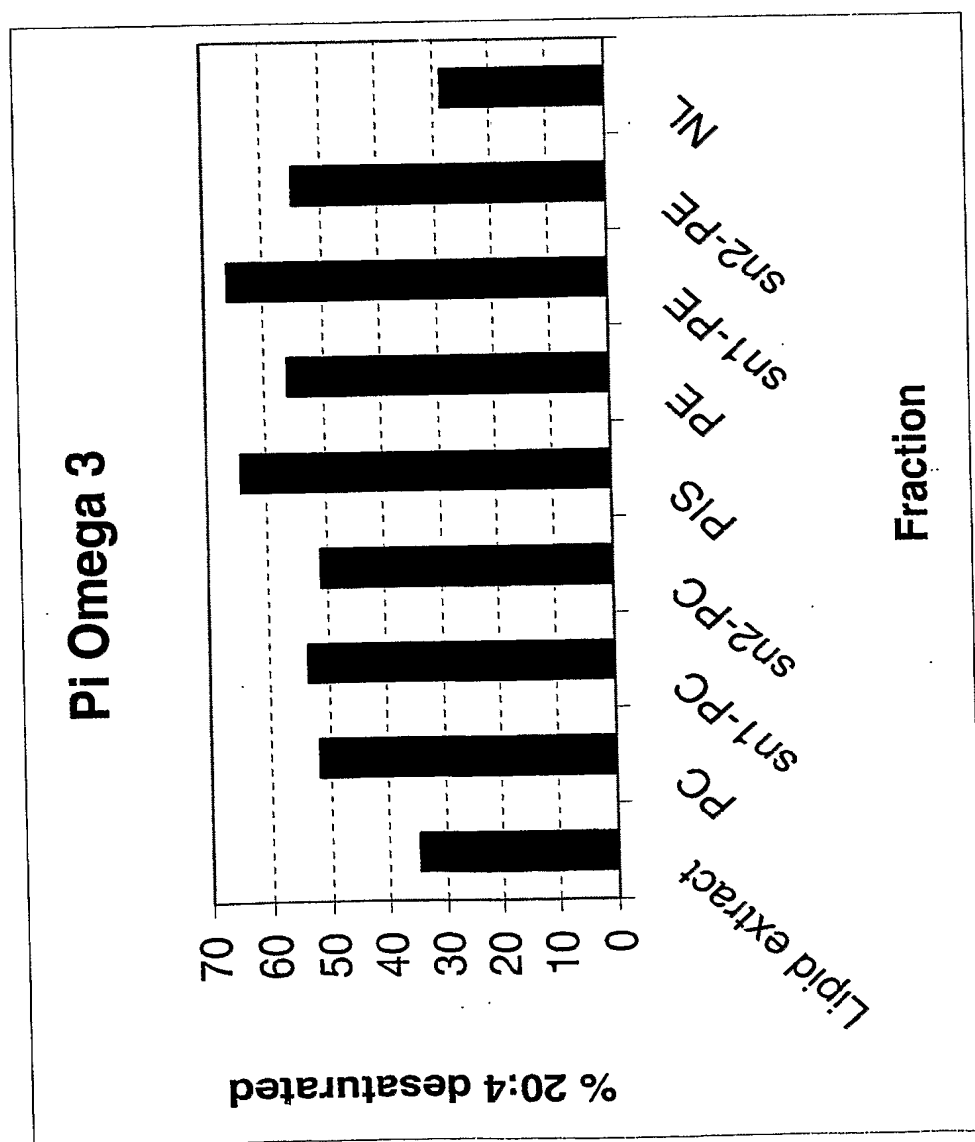


Figur 18: Substratspezifität der Pi-omega3Des gegenüber verschiedenen Fettsäuren

% Desaturierung

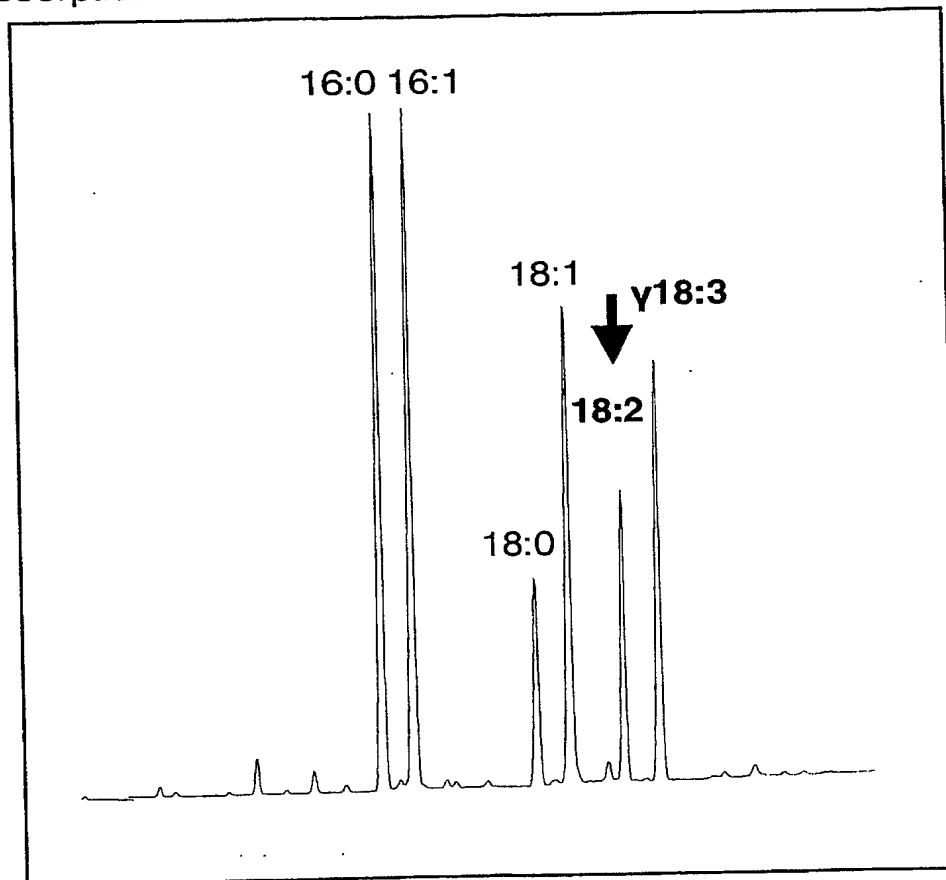


Figur 19: Desaturierung von Phospholipid gebundener Arachidonsäure zu EPA durch die Pi-Omega3Des



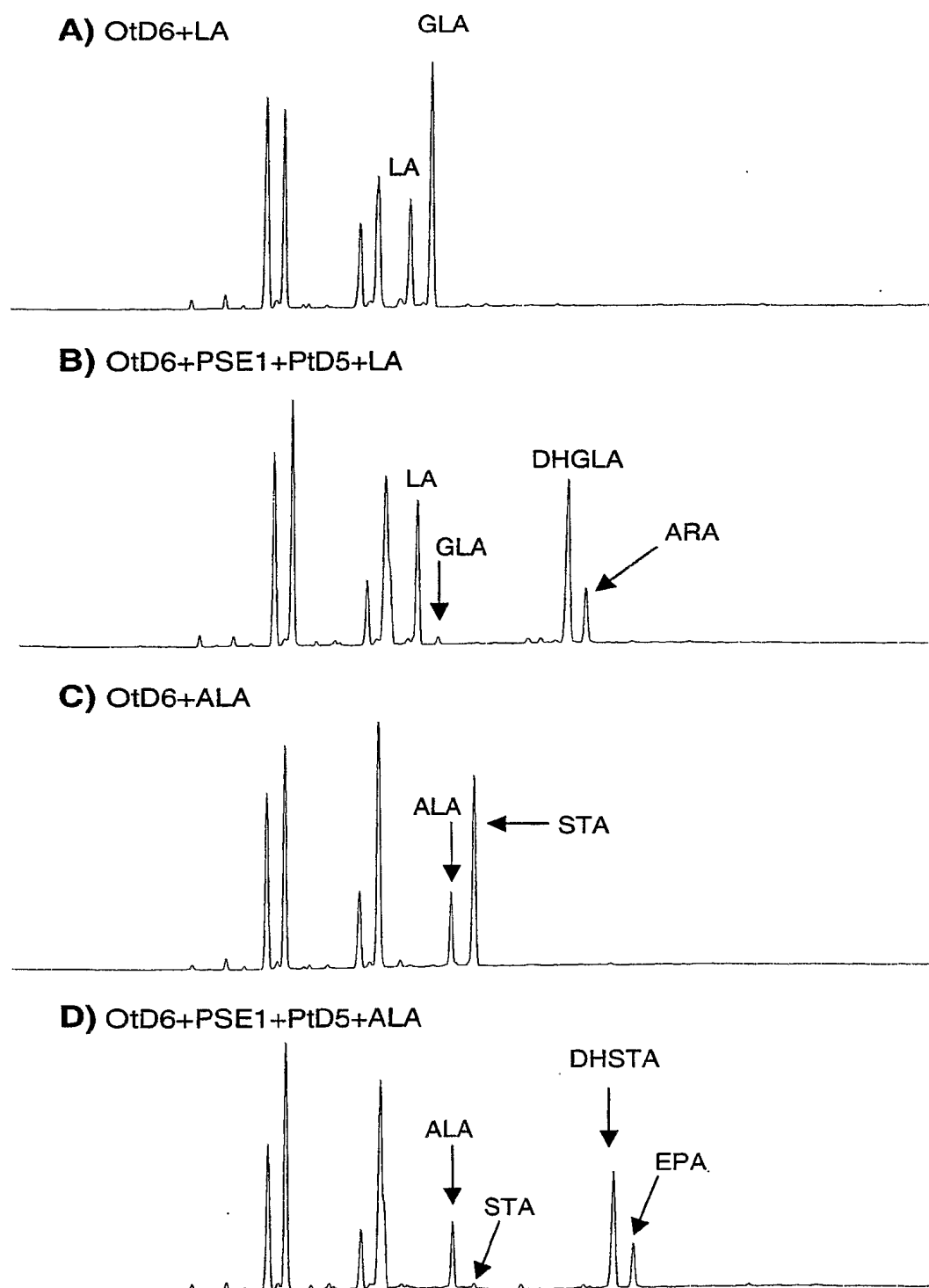
Figur 20: Umsetzung von Linolsäure (Pfeil) zu γ -Linolensäure (γ -18:3) durch Ot-Des6.1.

Absorption mAU



Retentionszeit

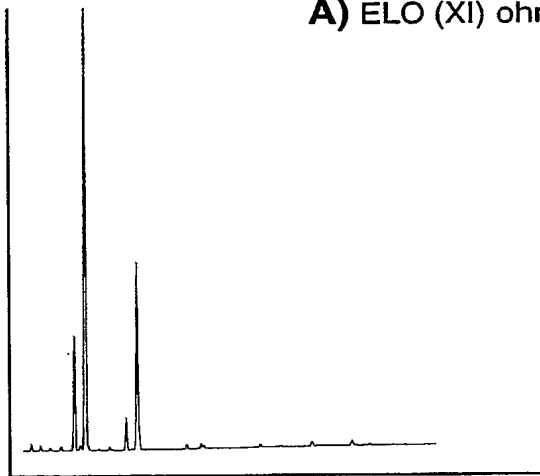
Figur 21: Umsetzung von Linolsäure und α -Linolensäure (A und C), sowie Rekonstitution des ARA- bzw. EPA-Syntheseweges in Hefe (B und D) in Gegenwart von OtD6.1.



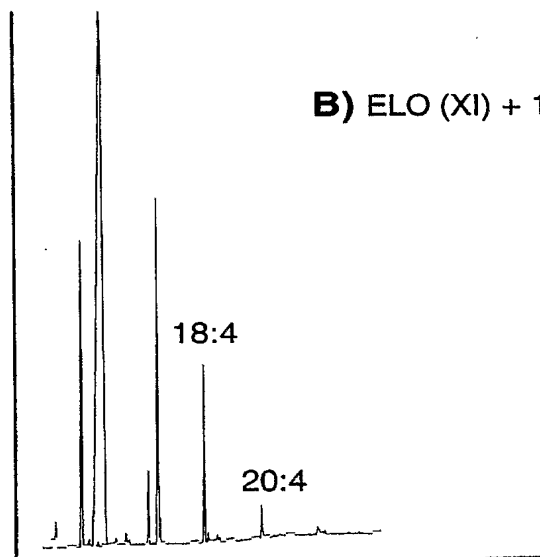
Figur 22: Expression von ELO(XI) in Hefe.

Absorption in mA

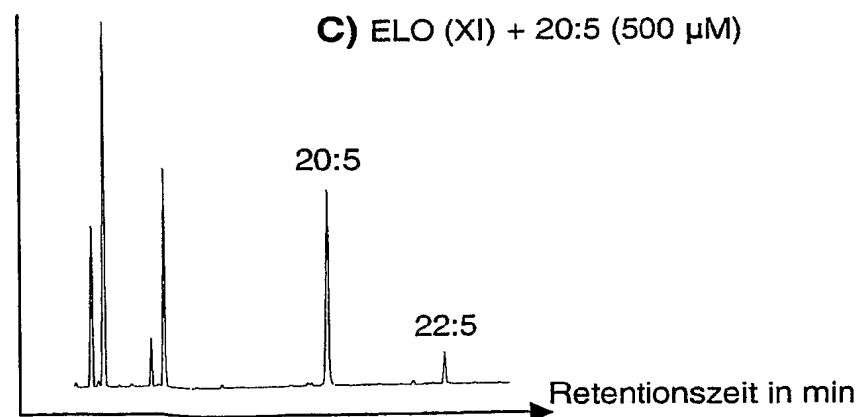
A) ELO (XI) ohne gefütterte Fettsäure



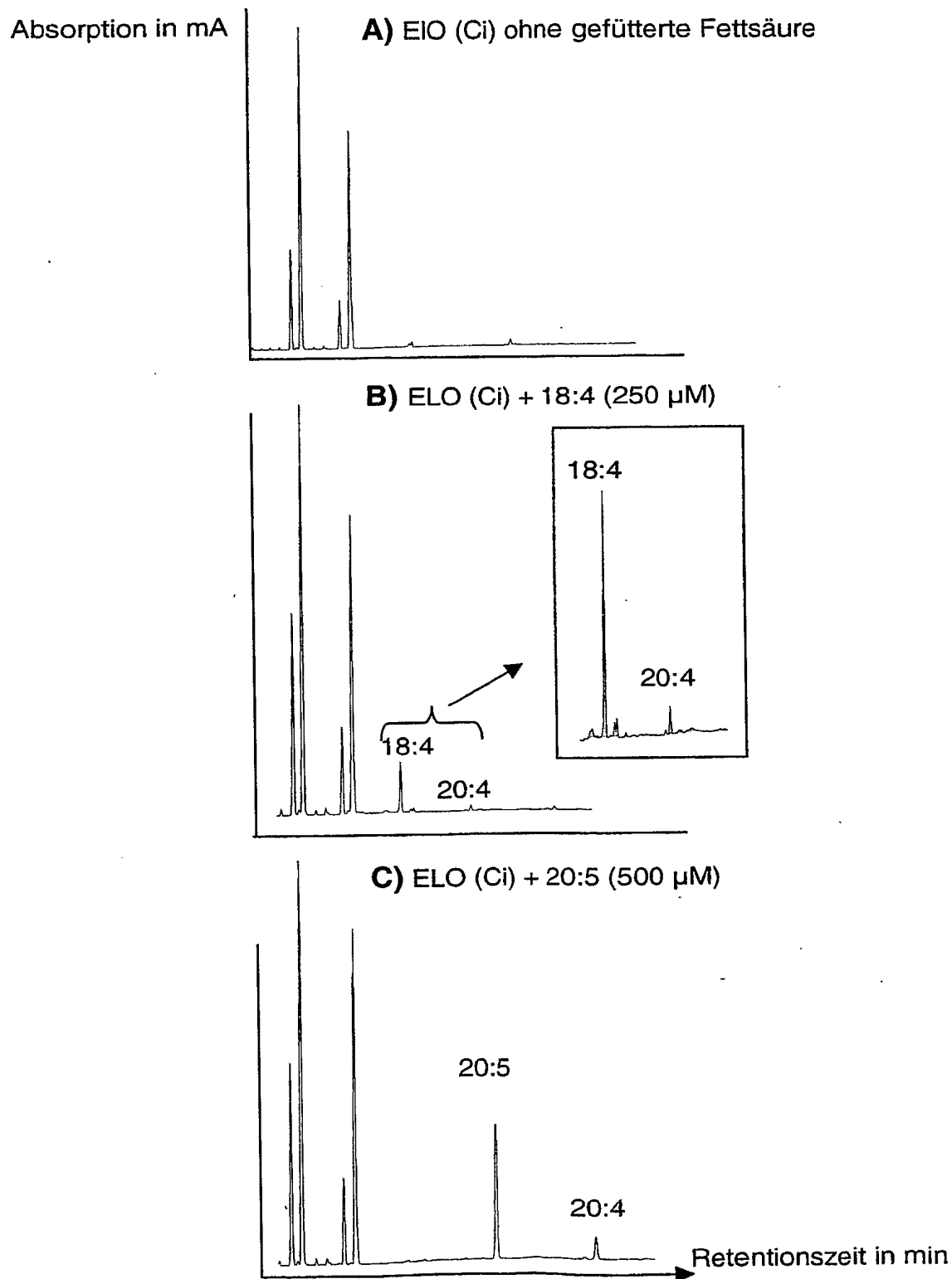
B) ELO (XI) + 18:4 Δ 6,9,12,15 (250 μ M)



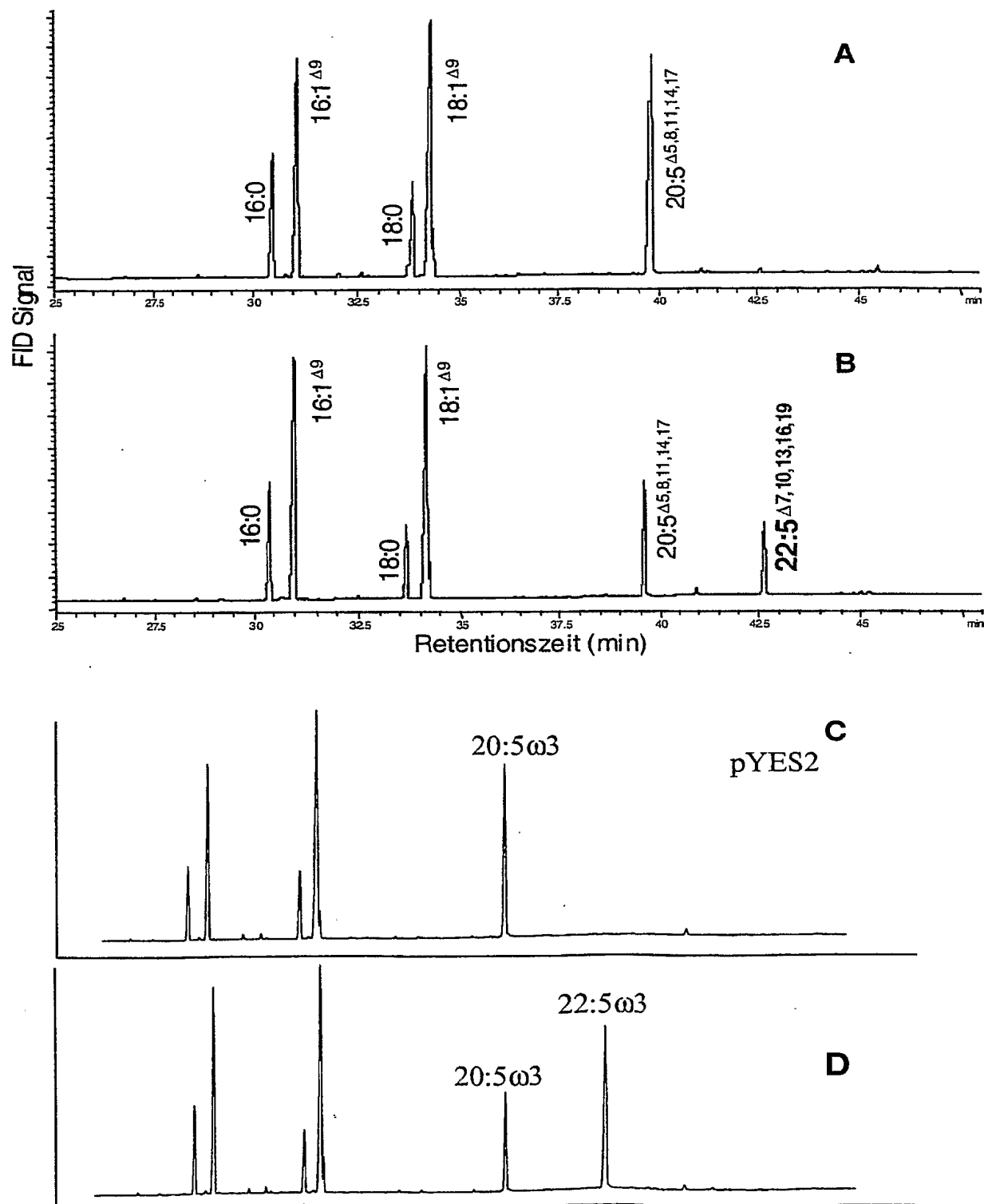
C) ELO (XI) + 20:5 (500 μ M)



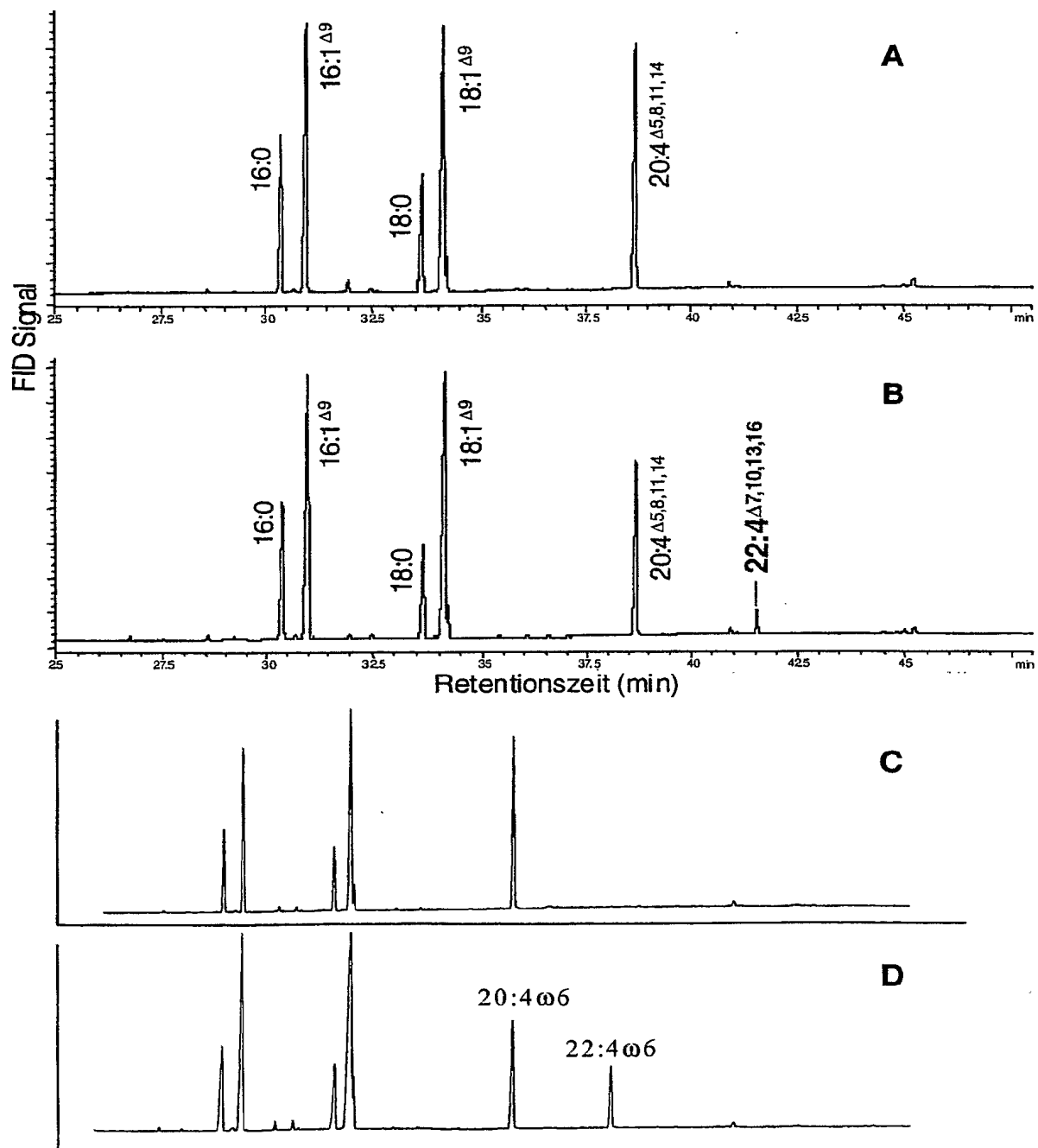
Figur 23:



Figur 24: Elongation von Eicosapentaensäure durch OtElo1 (B) bzw. OtElo1.2 (D). Die Kontrollen (A, C) zeigen nicht das Produkt der Elongation (22:5 ω 3).

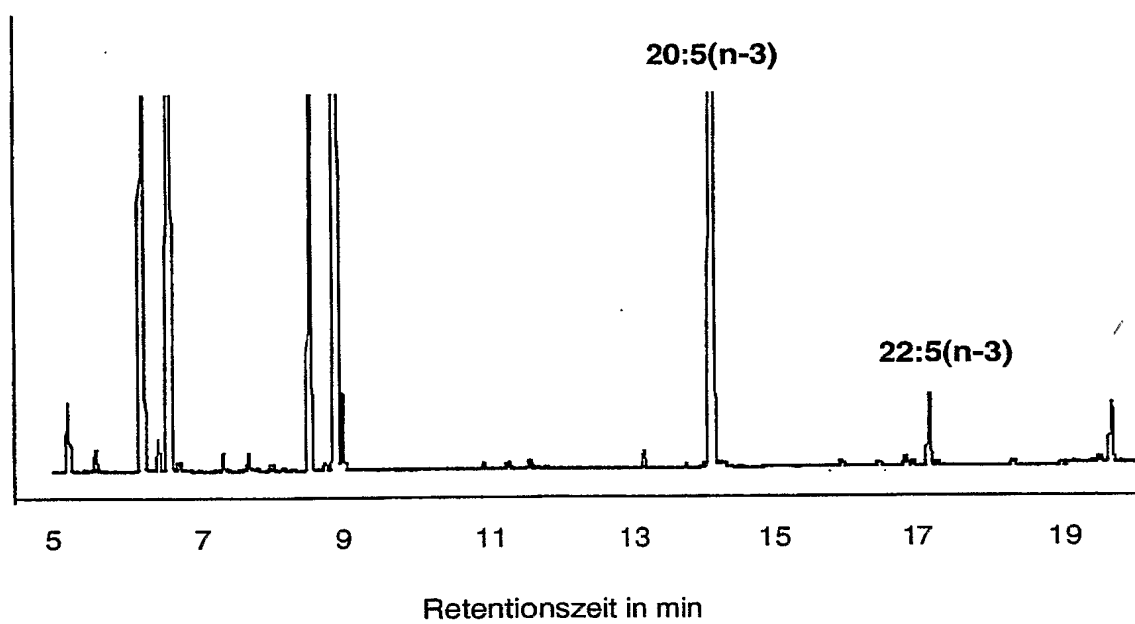


Figur 25: Elongation von Arachidonsäure durch OtElo1 (B) bzw. OtElo1.2 (D). Die Kontrollen (A, C) zeigen nicht das Produkt der Elongation (22:4 ω 6).

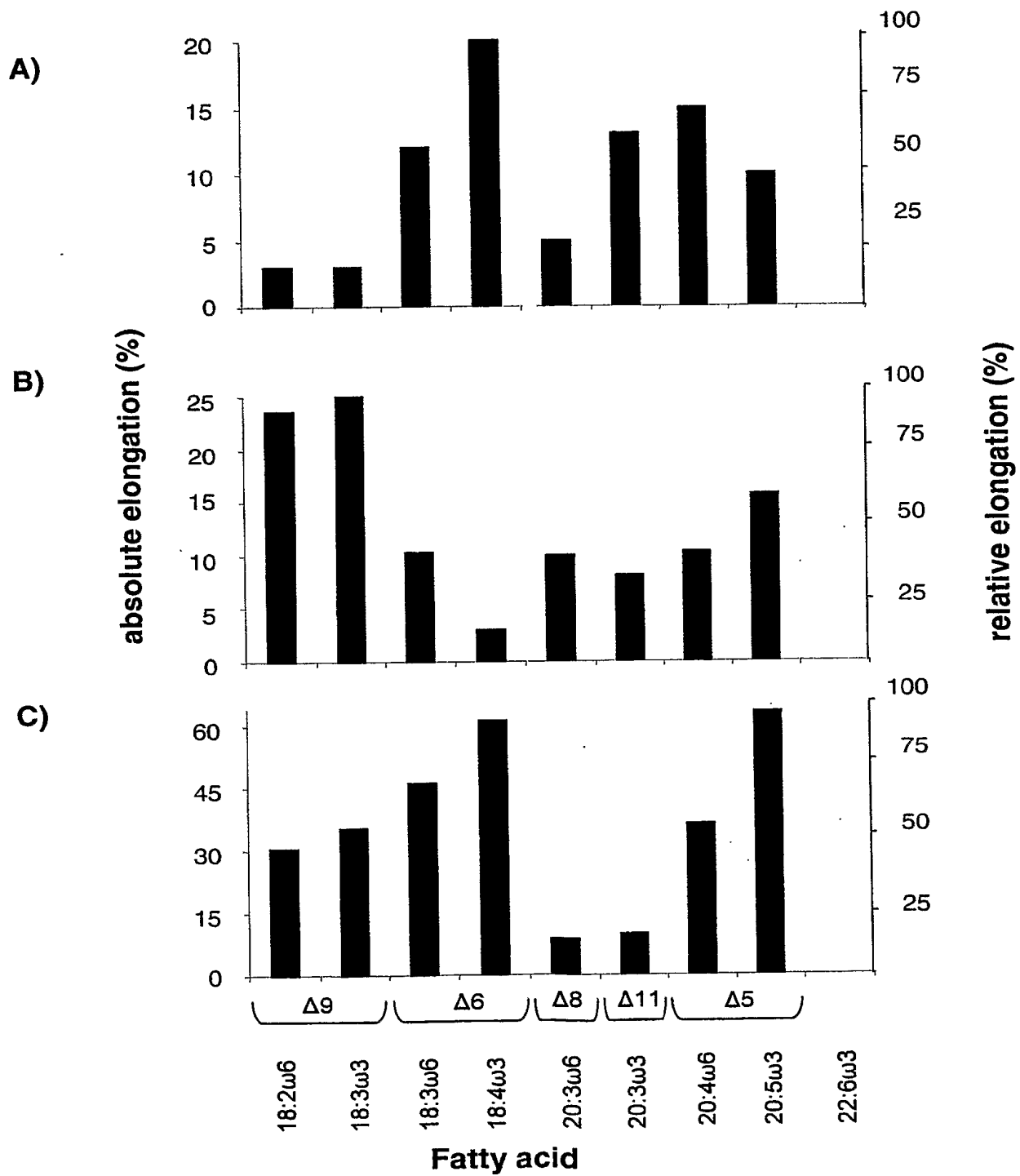


Figur 26: Elongation von 20:5n-3 durch die Elongasen At3g06470.

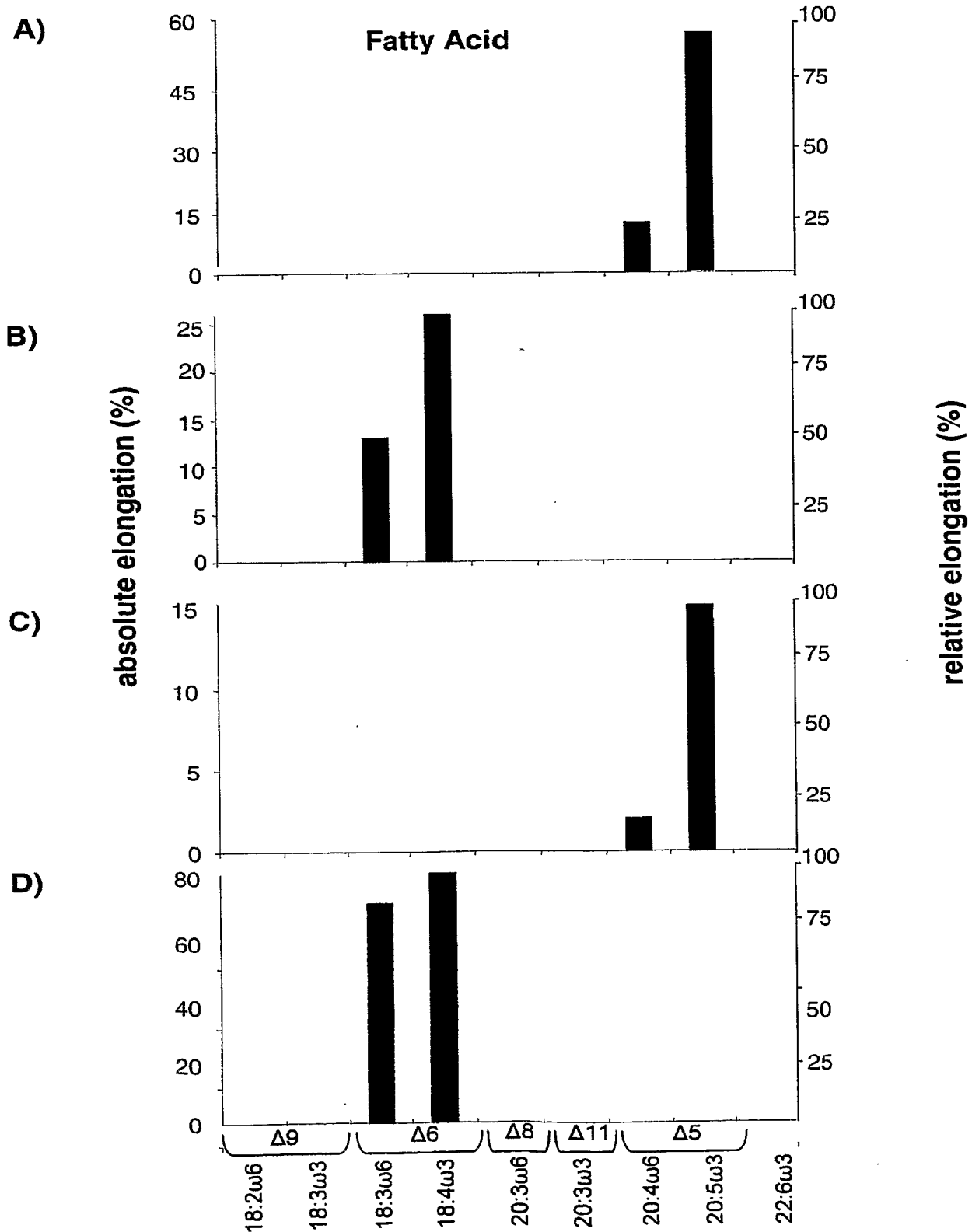
Absorption in mA



Figur 27: Substratspezifität der *Xenopus* Elongase (A), *Ciona* Elongase (B) und *Onchocorhynchus* Elongase (C)

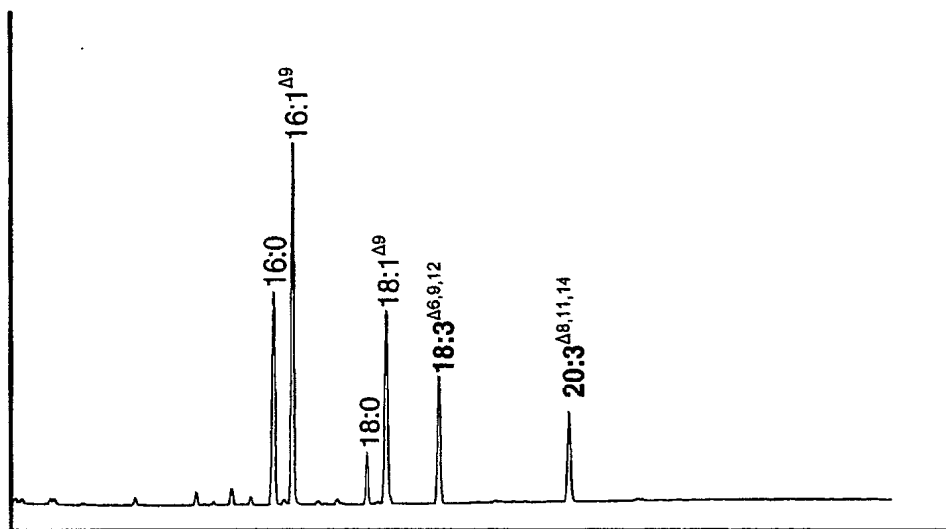


Figur 28: Substratspezifität der *Ostreococcus* Δ -5-Elongase (A), der *Ostreococcus* Δ -6-Elongase (B), der *Thalassiosira* Δ -5-Elongase (C) und *Thalassiosira* *Ostreococcus* Δ -6-Elongase (D)

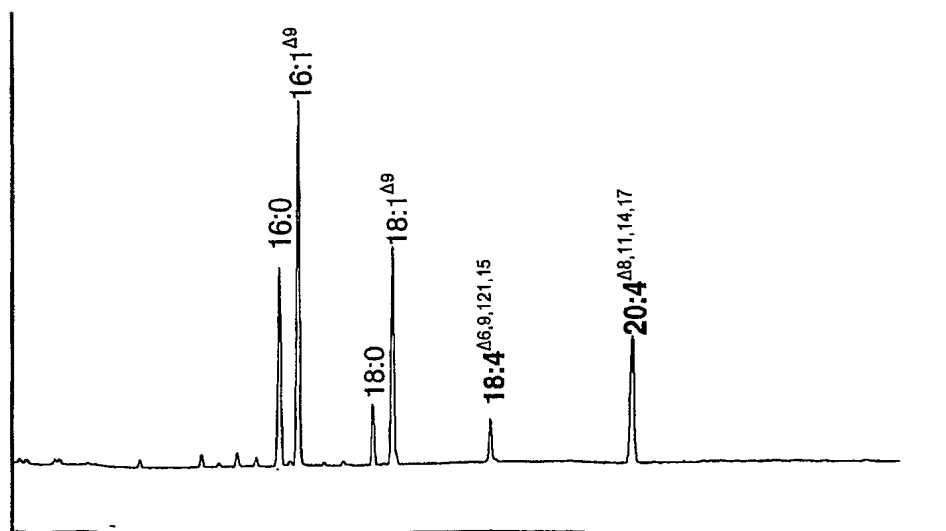


Figur 29: Expression der *Phaeodactylum tricornutum* Δ -6-Elongase (PtELO6) in Hefe. A) zeigt die Elongation der C18:3 $^{\Delta 6,9,12}$ Fettsäure und B) die Elongation der C18:4 $^{\Delta 6,9,12,15}$ Fettsäure

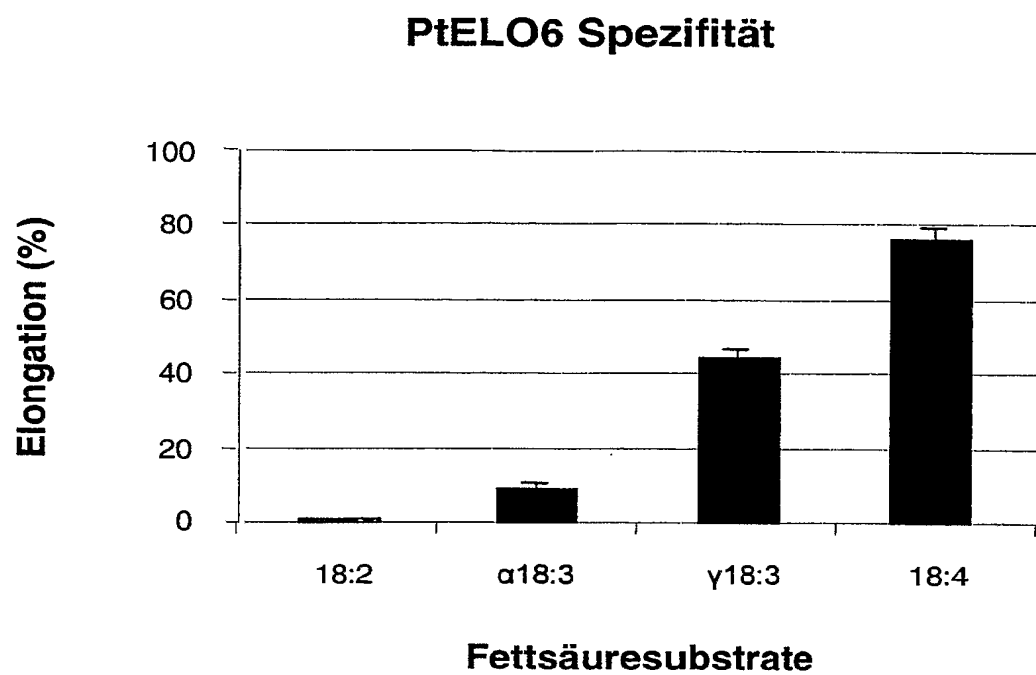
A)



B)



Figur 30: Figur 30 zeigt die Substratspezifität von PtELO6 in Bezug auf die gefütterten Substrate.



SEQUENCE LISTING

<110> BASF Plant Science GmbH

<120> Verfahren zur Herstellung von mehrfach ungesättigten Fettsäuren in transgenen Organismen

<130> PF54756

<140> 20030601

<141> 2003-08-01

<160> 192

<170> PatentIn version 3.1

<210> 1

<211> 1266

<212> DNA

<213> Euglena gracilis

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1266)

<223> Delta-8-Desaturase

<400> 1

atg aag tca aag cgc caa gcg ctt ccc ctt aca att gat gga aca aca	48
Met Lys Ser Lys Arg Gln Ala Leu Pro Leu Thr Ile Asp Gly Thr Thr	
1 5 10 15	
tat gat gtg tct gcc tgg gtc aat ttc cac cct ggt ggt gcg gaa att	96
Tyr Asp Val Ser Ala Trp Val Asn Phe His Pro Gly Gly Ala Glu Ile	
20 25 30	
ata gag aat tac caa gga agg gat gcc act gat gcc ttc atg gtt atg	144
Ile Glu Asn Tyr Gln Gly Arg Asp Ala Thr Asp Ala Phe Met Val Met	
35 40 45	
cac tct caa gaa gcc ttc gac aag ctc aag cgc atg ccc aaa atc aat	192
His Ser Gln Glu Ala Phe Asp Lys Leu Lys Arg Met Pro Lys Ile Asn	
50 55 60	
ccc agt tct gag ttg cca ccc cag gct gca gtg aat gaa gct caa gag	240
Pro Ser Ser Glu Leu Pro Pro Gln Ala Ala Val Asn Glu Ala Gln Glu	
65 70 75 80	
gat ttc cgg aag ctc cga gaa gag ttg atc gca act ggc atg ttt gat	288
Asp Phe Arg Lys Leu Arg Glu Glu Leu Ile Ala Thr Gly Met Phe Asp	
85 90 95	
gcc tcc ccc ctc tgg tac tca tac aaa atc agc acc aca ctg ggc ctt	336
Ala Ser Pro Leu Trp Tyr Ser Tyr Lys Ile Ser Thr Thr Leu Gly Leu	
100 105 110	
gga gtg ctg ggt tat ttc ctg atg gtt cag tat cag atg tat ttc att	384
Gly Val Leu Gly Tyr Phe Leu Met Val Gln Tyr Gln Met Tyr Phe Ile	
115 120 125	
ggg gca gtg ttg ctt ggg atg cac tat caa cag atg ggc tgg ctt tct	432
Gly Ala Val Leu Leu Gly Met His Tyr Gln Gln Met Gly Trp Leu Ser	
130 135 140	
cat gac att tgc cac cac cag act ttc aag aac cgg aac tgg aac aac	480
His Asp Ile Cys His His Gln Thr Phe Lys Asn Arg Asn Trp Asn Asn	
145 150 155 160	

ctc gtg gga ctg gta ttt ggc aat ggt ctg caa ggt ttt tcc gtg aca Leu Val Gly Leu Val Phe Gly Asn Gly Leu Gln Gly Phe Ser Val Thr 165 170 175	528
tgc tgg aag gac aga cac aat gca cat cat tcg gca acc aat gtt caa Cys Trp Lys Asp Arg His Asn Ala His His Ser Ala Thr Asn Val Gln 180 185 190	576
ggg cac gac cct gat att gac aac ctc ccc ctc tta gcc tgg tct gag Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Asn Leu Pro Leu Leu Ala Trp Ser Glu 195 200 205	624
gat gac gtc aca cgg gcg tca ccg att tcc cgc aag ctc att cag ttc Asp Asp Val Thr Arg Ala Ser Pro Ile Ser Arg Lys Leu Ile Gln Phe 210 215 220	672
cag cag tat tat ttc ttg gtc atc tgt atc ttg ttg cgg ttc att tgg Gln Gln Tyr Tyr Phe Leu Val Ile Cys Ile Leu Leu Arg Phe Ile Trp 225 230 235 240	720
tgt ttc cag agc gtg ttg acc gtg cgc agt ctg aag gac aga gat aac Cys Phe Gln Ser Val Leu Thr Val Arg Ser Leu Lys Asp Arg Asp Asn 245 250 255	768
caa ttc tat cgc tct cag tat aag aag gag gcc att ggc ctc gcc ctg Gln Phe Tyr Arg Ser Gln Tyr Lys Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Leu 260 265 270	816
cat tgg aca ttg aag gcc ctg ttc cac tta ttc ttt atg ccc agc atc His Trp Thr Leu Lys Ala Leu Phe His Leu Phe Phe Met Pro Ser Ile 275 280 285	864
ctc aca tcg ctg ttg gta ttt ttc gtt tcg gag ctg gtt ggc ggc ttc Leu Thr Ser Leu Leu Val Phe Phe Val Ser Glu Leu Val Gly Gly Phe 290 295 300	912
ggc att gcg atc gtg gtg ttc atg aac cac tac cca ctg gag aag atc Gly Ile Ala Ile Val Val Phe Met Asn His Tyr Pro Leu Glu Lys Ile 305 310 315 320	960
ggg gac tcg gtc tgg gat ggc cat gga ttc tcg gtt ggc cag atc cat Gly Asp Ser Val Trp Asp Gly His Gly Phe Ser Val Gly Gln Ile His 325 330 335	1008
gag acc atg aac att cgg cga ggg att atc aca gat tgg ttt ttc gga Glu Thr Met Asn Ile Arg Arg Gly Ile Ile Thr Asp Trp Phe Phe Gly 340 345 350	1056
ggc ttg aac tac cag atc gag cac cat ttg tgg ccg acc ctc cct cgc Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Trp Pro Thr Leu Pro Arg 355 360 365	1104
cac aac ctg aca gcg gtt agc tac cag gtg gaa cag ctg tgc cag aag His Asn Leu Thr Ala Val Ser Tyr Gln Val Glu Gln Leu Cys Gln Lys 370 375 380	1152
cac aac ctg ccg tat cgg aac ccg ctg ccc cat gaa ggg ttg gtc atc His Asn Leu Pro Tyr Arg Asn Pro Leu Pro His Glu Gly Leu Val Ile 385 390 395 400	1200
ctg ctg cgc tat ctg gcg gtg ttc gcc cgg atg gcg gag aag caa ccc Leu Leu Arg Tyr Leu Ala Val Phe Ala Arg Met Ala Glu Lys Gln Pro 405 410 415	1248
gcg ggg aag gct cta taa Ala Gly Lys Ala Leu 420	1266

<210> 2
 <211> 421
 <212> PRT
 <213> Euglena gracilis

<400> 2

Met Lys Ser Lys Arg Gln Ala Leu Pro Leu Thr Ile Asp Gly Thr Thr
 1 5 10 15

Tyr Asp Val Ser Ala Trp Val Asn Phe His Pro Gly Gly Ala Glu Ile
 20 25 30

Ile Glu Asn Tyr Gln Gly Arg Asp Ala Thr Asp Ala Phe Met Val Met
 35 40 45

His Ser Gln Glu Ala Phe Asp Lys Leu Lys Arg Met Pro Lys Ile Asn
 50 55 60

Pro Ser Ser Glu Leu Pro Pro Gln Ala Ala Val Asn Glu Ala Gln Glu
 65 70 75 80

Asp Phe Arg Lys Leu Arg Glu Glu Leu Ile Ala Thr Gly Met Phe Asp
 85 90 95

Ala Ser Pro Leu Trp Tyr Ser Tyr Lys Ile Ser Thr Thr Leu Gly Leu
 100 105 110

Gly Val Leu Gly Tyr Phe Leu Met Val Gln Tyr Gln Met Tyr Phe Ile
 115 120 125

Gly Ala Val Leu Leu Gly Met His Tyr Gln Gln Met Gly Trp Leu Ser
 130 135 140

His Asp Ile Cys His His Gln Thr Phe Lys Asn Arg Asn Trp Asn Asn
 145 150 155 160

Leu Val Gly Leu Val Phe Gly Asn Gly Leu Gln Gly Phe Ser Val Thr
 165 170 175

Cys Trp Lys Asp Arg His Asn Ala His His Ser Ala Thr Asn Val Gln
 180 185 190

Gly His Asp Pro Asp Ile Asp Asn Leu Pro Leu Leu Ala Trp Ser Glu
 195 200 205

Asp Asp Val Thr Arg Ala Ser Pro Ile Ser Arg Lys Leu Ile Gln Phe
 210 215 220

Gln Gln Tyr Tyr Phe Leu Val Ile Cys Ile Leu Leu Arg Phe Ile Trp
 225 230 235 240

Cys Phe Gln Ser Val Leu Thr Val Arg Ser Leu Lys Asp Arg Asp Asn
 245 250 255

Gln Phe Tyr Arg Ser Gln Tyr Lys Lys Glu Ala Ile Gly Leu Ala Leu
 260 265 270

His Trp Thr Leu Lys Ala Leu Phe His Leu Phe Phe Met Pro Ser Ile
 275 280 285

Leu Thr Ser Leu Leu Val Phe Phe Val Ser Glu Leu Val Gly Gly Phe
 290 295 300

Gly Ile Ala Ile Val Val Phe Met Asn His Tyr Pro Leu Glu Lys Ile
 305 310 315 320

Gly Asp Ser Val Trp Asp Gly His Gly Phe Ser Val Gly Gln Ile His
 325 330 335

Glu Thr Met Asn Ile Arg Arg Gly Ile Ile Thr Asp Trp Phe Phe Gly
 340 345 350

Gly Leu Asn Tyr Gln Ile Glu His His Leu Trp Pro Thr Leu Pro Arg
 355 360 365

His Asn Leu Thr Ala Val Ser Tyr Gln Val Glu Gln Leu Cys Gln Lys
 370 375 380

His Asn Leu Pro Tyr Arg Asn Pro Leu Pro His Glu Gly Leu Val Ile
 385 390 395 400

Leu Leu Arg Tyr Leu Ala Val Phe Ala Arg Met Ala Glu Lys Gln Pro
 405 410 415

Ala Gly Lys Ala Leu
 420

<210> 3
 <211> 777
 <212> DNA
 <213> Isochrysis galbana

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(777)
 <223> Delta-9-Elongase

<400> 3
 atg gcc ctc gca aac gac gcg gga gag cgc atc tgg gcg gct gtg acc
 Met Ala Leu Ala Asn Asp Ala Gly Glu Arg Ile Trp Ala Ala Val Thr
 1 5 10 15

48

gac ccg gaa atc ctc att ggc acc ttc tcg tac ttg cta ctc aaa ccg
 Asp Pro Glu Ile Leu Ile Gly Thr Phe Ser Tyr Leu Leu Leu Lys Pro
 20 25 30

96

5

ctg ctc cgc aat tcc ggg ctg gtg gat gag aag aag ggc gca tac agg 144
 Leu Leu Arg Asn Ser Gly Leu Val Asp Glu Lys Lys Gly Ala Tyr Arg
 35 40 45
 acg tcc atg atc tgg tac aac gtt ctg ctg gcg ctc ttc tct gcg ctg 192
 Thr Ser Met Ile Trp Tyr Asn Val Leu Leu Ala Leu Phe Ser Ala Leu
 50 55 60
 agc ttc tac gtg acg gcg acc gcc ctc ggc tgg gac tat ggt acg ggc 240
 Ser Phe Tyr Val Thr Ala Thr Ala Leu Gly Trp Asp Tyr Gly Thr Gly
 65 70 75 80
 gcg tgg ctg cgc agg caa acc ggc gac aca ccg cag ccg ctc ttc cag 288
 Ala Trp Leu Arg Gln Thr Gly Asp Thr Pro Gln Pro Leu Phe Gln
 85 90 95
 tgc ccg tcc ccg gtt tgg gac tcg aag ctc ttc aca tgg acc gcc aag 336
 Cys Pro Ser Pro Val Trp Asp Ser Lys Leu Phe Thr Trp Thr Ala Lys
 100 105 110
 gca ttc tat tac tcc aag tac gtg gag tac ctc gac acg gcc tgg ctg 384
 Ala Phe Tyr Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Tyr Leu Asp Thr Ala Trp Leu
 115 120 125
 agg gtc tcc ttt ctc cag gcc ttc cac cac ttt ggc gcg ccg tgg gat 432
 Arg Val Ser Phe Leu Gln Ala Phe His His Phe Gly Ala Pro Trp Asp
 130 135 140
 gtg tac ctc ggc att cgg ctg cac aac gag ggc gta tgg atc ttc atg 480
 Val Tyr Leu Gly Ile Arg Leu His Asn Glu Gly Val Trp Ile Phe Met
 145 150 155 160
 ttt ttc aac tcg ttc att cac acc atc atg tac acc tac tac ggc ctc 528
 Phe Phe Asn Ser Phe Ile His Thr Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu
 165 170 175
 acc gcc gcc ggg tat aag ttc aag gcc aag ccg ctc atc acc gcg atg 576
 Thr Ala Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Ala Lys Pro Leu Ile Thr Ala Met
 180 185 190
 cag atc tgc cag ttc gtg ggc ggc ttc ctg ttg gtc tgg gac tac atc 624
 Gln Ile Cys Gln Phe Val Gly Gly Phe Leu Leu Val Trp Asp Tyr Ile
 195 200 205
 aac gtc ccc tgc ttc aac tcg gac aaa ggg aag ttg ttc agc tgg gct 672
 Asn Val Pro Cys Phe Asn Ser Asp Lys Gly Lys Leu Phe Ser Trp Ala
 210 215 220
 ttc aac tat gca tac gtc ggc tcg gtc ttc ttg ctc ttc tgc cac ttt 720
 Phe Asn Tyr Ala Tyr Val Gly Ser Val Phe Leu Leu Phe Cys His Phe
 225 230 235 240
 ttc tac cag gac aac ttg gca acg aag aaa tcg gcc aag gcg ggc aag 768
 Phe Tyr Gln Asp Asn Leu Ala Thr Lys Lys Ser Ala Lys Ala Gly Lys
 245 250 255
 cag ctc tag 777
 Gln Leu

<210> 4
 <211> 258
 <212> PRT
 <213> Isochrysis galbana

<400> 4

Met Ala Leu Ala Asn Asp Ala Gly Glu Arg Ile Trp Ala Ala Val Thr
1 5 10 15

Asp Pro Glu Ile Leu Ile Gly Thr Phe Ser Tyr Leu Leu Leu Lys Pro
20 25 30

Leu Leu Arg Asn Ser Gly Leu Val Asp Glu Lys Lys Gly Ala Tyr Arg
35 40 45

Thr Ser Met Ile Trp Tyr Asn Val Leu Leu Ala Leu Phe Ser Ala Leu
50 55 60

Ser Phe Tyr Val Thr Ala Thr Ala Leu Gly Trp Asp Tyr Gly Thr Gly
65 70 75 80

Ala Trp Leu Arg Arg Gln Thr Gly Asp Thr Pro Gln Pro Leu Phe Gln
85 90 95

Cys Pro Ser Pro Val Trp Asp Ser Lys Leu Phe Thr Trp Thr Ala Lys
100 105 110

Ala Phe Tyr Tyr Ser Lys Tyr Val Glu Tyr Leu Asp Thr Ala Trp Leu
115 120 125

Arg Val Ser Phe Leu Gln Ala Phe His His Phe Gly Ala Pro Trp Asp
130 135 140

Val Tyr Leu Gly Ile Arg Leu His Asn Glu Gly Val Trp Ile Phe Met
145 150 155 160

Phe Phe Asn Ser Phe Ile His Thr Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu
165 170 175

Thr Ala Ala Gly Tyr Lys Phe Lys Ala Lys Pro Leu Ile Thr Ala Met
180 185 190

Gln Ile Cys Gln Phe Val Gly Gly Phe Leu Leu Val Trp Asp Tyr Ile
195 200 205

Asn Val Pro Cys Phe Asn Ser Asp Lys Gly Lys Leu Phe Ser Trp Ala
210 215 220

Phe Asn Tyr Ala Tyr Val Gly Ser Val Phe Leu Leu Phe Cys His Phe
225 230 235 240

Phe Tyr Gln Asp Asn Leu Ala Thr Lys Lys Ser Ala Lys Ala Gly Lys
245 250 255

Gln Leu

<210> 5
 <211> 1410
 <212> DNA
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1410)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 5
 atg gct ccg gat gcg gat aag ctt cga caa cgc cag acg act gcg gta 48
 Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
 1 5 10 15
 gcg aag cac aat gct gct acc ata tcg acg cag gaa cgc ctt tgc agt 96
 Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
 20 25 30
 ctg tct tcg ctc aaa ggc gaa gaa gtc tgc atc gac gga atc atc tat 144
 Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
 35 40 45
 gac ctc caa tca ttc gat cat ccc ggg ggt gaa acg atc aaa atg ttt 192
 Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
 50 55 60
 ggt ggc aac gat gtc act gta cag tac aag atg att cac ccg tac cat 240
 Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
 65 70 75 80
 acc gag aag cat ttg gaa aag atg aag cgt gtc ggc aag gtg acg gat 288
 Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
 85 90 95
 ttc gtc tgc gag tac aag ttc gat acc gaa ttt gaa cgc gaa atc aaa 336
 Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
 100 105 110
 cga gaa gtc ttc aag att gtg cga cga ggc aag gat ttc ggt act ttg 384
 Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
 115 120 125
 gga tgg ttc ttc cgt gcg ttt tgc tac att gcc att ttc ttc tac ctg 432
 Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
 130 135 140
 cag tac cat tgg gtc acc acg gga acc tct tgg ctg ctg gcc gtg gcc 480
 Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
 145 150 155 160
 tac gga atc tcc caa gcg atg att ggc atg aat gtc cag cac gat gcc 528
 Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
 165 170 175
 aac cac ggg gcc acc tcc aag cgt ccc tgg gtc aac gac atg cta ggc 576
 Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
 180 185 190
 ctc ggt gcg gat ttt att ggt ggt tcc aag tgg ctc tgg cag gaa caa 624
 Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
 195 200 205
 cac tgg acc cac cac gct tac acc aat cac gcc gag atg gat ccc gat 672
 His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
 210 215 220

agc ttt ggt gcc gaa cca atg ctc cta ttc aac gac tat ccc ttg gat	720
Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp	
225 230 235 240	
cat ccc gct cgt acc tgg cta cat cgc ttt caa gca ttc ttt tac atg	768
His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met	
245 250 255	
ccc gtc ttg gct gga tac tgg ttg tcc gct gtc ttc aat cca caa att	816
Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile	
260 265 270	
ctt gac ctc cag caa cgc ggc gca ctt tcc gtc ggt atc cgt ctc gac	864
Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp	
275 280 285	
aac gct ttc att cac tcg cga cgc aag tat gcg gtt ttc tgg cgg gct	912
Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala	
290 295 300	
gtg tac att gcg gtg aac gtg att gct ccg ttt tac aca aac tcc ggc	960
Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly	
305 310 315 320	
ctc gaa tgg tcc tgg cgt gtc ttt gga aac atc atg ctc atg ggt gtg	1008
Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val	
325 330 335	
gcg gaa tcg ctc gcg ctg gcg gtc ctg ttt tcg ttg tcg cac aat ttc	1056
Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe	
340 345 350	
gaa tcc gcg gat cgc gat ccg acc gcc cca ctg aaa aag acg gga gaa	1104
Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu	
355 360 365	
cca gtc gac tgg ttc aag aca cag gtc gaa act tcc tgc act tac ggt	1152
Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly	
370 375 380	
gga ttc ctt tcc ggt tgc ttc acg gga ggt ctc aac ttt cag gtt gaa	1200
Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu	
385 390 395 400	
cac cac ttg ttc cca cgc atg agc agc gct tgg tat ccc tac att gcc	1248
His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala	
405 410 415	
ccc aag gtc cgc gaa att tgc gcc aaa cac ggc gtc cac tac gcc tac	1296
Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr	
420 425 430	
tac ccg tgg atc cac caa aac ttt ctc tcc acc gtc cgc tac atg cac	1344
Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His	
435 440 445	
gcg gcc ggg acc ggt gcc aac tgg cgc cag atg gcc aga gaa aat ccc	1392
Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro	
450 455 460	
ttg acc gga cgg gcg taa	1410
Leu Thr Gly Arg Ala	
465	

<210> 6
 <211> 469
 <212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 6

Met Ala Pro Asp Ala Asp Lys Leu Arg Gln Arg Gln Thr Thr Ala Val
1 5 10 15

Ala Lys His Asn Ala Ala Thr Ile Ser Thr Gln Glu Arg Leu Cys Ser
20 25 30

Leu Ser Ser Leu Lys Gly Glu Glu Val Cys Ile Asp Gly Ile Ile Tyr
35 40 45

Asp Leu Gln Ser Phe Asp His Pro Gly Gly Glu Thr Ile Lys Met Phe
50 55 60

Gly Gly Asn Asp Val Thr Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His
65 70 75 80

Thr Glu Lys His Leu Glu Lys Met Lys Arg Val Gly Lys Val Thr Asp
85 90 95

Phe Val Cys Glu Tyr Lys Phe Asp Thr Glu Phe Glu Arg Glu Ile Lys
100 105 110

Arg Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Lys Asp Phe Gly Thr Leu
115 120 125

Gly Trp Phe Phe Arg Ala Phe Cys Tyr Ile Ala Ile Phe Phe Tyr Leu
130 135 140

Gln Tyr His Trp Val Thr Thr Gly Thr Ser Trp Leu Leu Ala Val Ala
145 150 155 160

Tyr Gly Ile Ser Gln Ala Met Ile Gly Met Asn Val Gln His Asp Ala
165 170 175

Asn His Gly Ala Thr Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Met Leu Gly
180 185 190

Leu Gly Ala Asp Phe Ile Gly Gly Ser Lys Trp Leu Trp Gln Glu Gln
195 200 205

His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Glu Met Asp Pro Asp
210 215 220

Ser Phe Gly Ala Glu Pro Met Leu Leu Phe Asn Asp Tyr Pro Leu Asp
225 230 235 240

His Pro Ala Arg Thr Trp Leu His Arg Phe Gln Ala Phe Phe Tyr Met
245 250 255

10

Pro Val Leu Ala Gly Tyr Trp Leu Ser Ala Val Phe Asn Pro Gln Ile
 260 265 270

Leu Asp Leu Gln Gln Arg Gly Ala Leu Ser Val Gly Ile Arg Leu Asp
 275 280 285

Asn Ala Phe Ile His Ser Arg Arg Lys Tyr Ala Val Phe Trp Arg Ala
 290 295 300

Val Tyr Ile Ala Val Asn Val Ile Ala Pro Phe Tyr Thr Asn Ser Gly
 305 310 315 320

Leu Glu Trp Ser Trp Arg Val Phe Gly Asn Ile Met Leu Met Gly Val
 325 330 335

Ala Glu Ser Leu Ala Leu Ala Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe
 340 345 350

Glu Ser Ala Asp Arg Asp Pro Thr Ala Pro Leu Lys Lys Thr Gly Glu
 355 360 365

Pro Val Asp Trp Phe Lys Thr Gln Val Glu Thr Ser Cys Thr Tyr Gly
 370 375 380

Gly Phe Leu Ser Gly Cys Phe Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu
 385 390 395 400

His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala
 405 410 415

Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Ala Lys His Gly Val His Tyr Ala Tyr
 420 425 430

Tyr Pro Trp Ile His Gln Asn Phe Leu Ser Thr Val Arg Tyr Met His
 435 440 445

Ala Ala Gly Thr Gly Ala Asn Trp Arg Gln Met Ala Arg Glu Asn Pro
 450 455 460

Leu Thr Gly Arg Ala
 465

<210> 7
 <211> 1344
 <212> DNA
 <213> Ceratodon purpureus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1344)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 7

atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp 1 5 10 15	48
gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly 20 25 30	96
ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe 35 40 45	144
cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu 50 55 60	192
ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys 65 70 75 80	240
gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn 85 90 95	288
att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu 100 105 110	336
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe 115 120 125	384
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe 130 135 140	432
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly 145 150 155 160	480
gtt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His 165 170 175	528
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val 180 185 190	576
gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His 195 200 205	624
aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu 210 215 220	672
gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr 225 230 235 240	720
tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His 245 250 255	768
tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser 260 265 270	816

atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga 864
 Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
 275 280 285

aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg 912
 Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
 290 295 300

tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg 960
 Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
 305 310 315 320

ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta 1008
 Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
 325 330 335

gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac 1056
 Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
 340 345 350

atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg 1104
 Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
 355 360 365

aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag 1152
 Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
 370 375 380

att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act 1200
 Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
 385 390 395 400

gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac 1248
 Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
 405 410 415

atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc 1296
 Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
 420 425 430

cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag 1344
 Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
 435 440 445

<210> 8
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> Ceratodon purpureus

<400> 8

Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
 1 5 10 15

Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
 20 25 30

Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
 35 40 45

His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
 50 55 60

Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
65 70 75 80

Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
85 90 95

Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
100 105 110

Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
115 120 125

Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
130 135 140

Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
145 150 155 160

Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
165 170 175

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
 340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
 355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
 370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
 385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
 405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
 420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
 435 440 445

<210> 9
 <211> 1443
 <212> DNA
 <213> Physcomitrella patens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1443)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 9
 atg gcg ccc cac tct gcg gat act gct ggg ctc gtg cct tct gac gaa 48
 Met Ala Pro His Ser Ala Asp Thr Ala Gly Leu Val Pro Ser Asp Glu
 1 5 10 15
 ttg agg cta cga acg tcg aat tca aag ggt ccc gaa caa gag caa act 96
 Leu Arg Leu Arg Thr Ser Asn Ser Lys Gly Pro Glu Gln Glu Gln Thr
 20 25 30
 ttg aag aag tac acc ctt gaa gat gtc agc cgc cac aac acc cca gca 144
 Leu Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Asp Val Ser Arg His Asn Thr Pro Ala
 35 40 45
 gat tgt tgg ttg gtg ata tgg ggc aaa gtc tac gat gtc aca agc tgg 192
 Asp Cys Trp Leu Val Ile Trp Gly Lys Val Tyr Asp Val Thr Ser Trp
 50 55 60
 att ccc aat cat ccg ggg ggc agt ctc atc cac gta aaa gca ggg cag 240
 Ile Pro Asn His Pro Gly Gly Ser Leu Ile His Val Lys Ala Gly Gln
 65 70 75 80
 gat tcc act cag ctt ttc gat tcc tat cac ccc ctt tat gtc agg aaa 288
 Asp Ser Thr Gln Leu Phe Asp Ser Tyr His Pro Leu Tyr Val Arg Lys
 85 90 95
 atg ctc gcg aag tac tgt att ggg gaa tta gta ccg tct gct ggt gat 336
 Met Leu Ala Lys Tyr Cys Ile Gly Glu Leu Val Pro Ser Ala Gly Asp
 100 105 110

15

gac aag ttt aag aaa gca act ctg gag tat gca gat gcc gaa aat gaa Asp Lys Phe Lys Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Ala Asp Ala Glu Asn Glu 115 120 125	384
gat ttc tat ttg gtt gtg aag caa cga gtt gaa tct tat ttc aag agt Asp Phe Tyr Leu Val Val Lys Gln Arg Val Glu Ser Tyr Phe Lys Ser 130 135 140	432
aac aag ata aac ccc caa att cat cca cat atg atc ctg aag tca ttg Asn Lys Ile Asn Pro Gln Ile His Pro His Met Ile Leu Lys Ser Leu 145 150 155 160	480
ttc att ctt ggg gga tat ttc gcc agt tac tat tta gcg ttc ttc tgg Phe Ile Leu Gly Gly Tyr Phe Ala Ser Tyr Tyr Leu Ala Phe Phe Trp 165 170 175	528
tct tca agt gtc ctt gtt tct ttg ttt ttc gca ttg tgg atg ggg ttc Ser Ser Ser Val Leu Val Ser Leu Phe Phe Ala Leu Trp Met Gly Phe 180 185 190	576
ttc gca gcg gaa gtc ggc gtg tgc att caa cat gat gga aat cat ggt Phe Ala Ala Glu Val Gly Val Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly 195 200 205	624
tca tac act aaa tgg cgt ggc ttt gga tat atc atg gga gcc tcc cta Ser Tyr Thr Lys Trp Arg Gly Phe Gly Tyr Ile Met Gly Ala Ser Leu 210 215 220	672
gat cta gtc gga gcc agt agc ttc atg tgg aga cag caa cac gtt gtg Asp Leu Val Gly Ala Ser Ser Phe Met Trp Arg Gln Gln His Val Val 225 230 235 240	720
gga cat cac tcg ttt aca aat gtg gac aac tac gat cct gat att cgt Gly His His Ser Phe Thr Asn Val Asp Asn Tyr Asp Pro Asp Ile Arg 245 250 255	768
gtg aaa gat cca gat gtc agg agg gtt gcg acc aca caa cca aga caa Val Lys Asp Pro Asp Val Arg Arg Val Ala Thr Thr Gln Pro Arg Gln 260 265 270	816
tgg tat cat gcg tat cag cat atc tac ctg gca gta tta tat gga act Trp Tyr His Ala Tyr Gln His Ile Tyr Leu Ala Val Leu Tyr Gly Thr 275 280 285	864
cta gct ctt aag agt att ttt cta gat gat ttc ctt gcg tac ttc aca Leu Ala Leu Lys Ser Ile Phe Leu Asp Asp Phe Leu Ala Tyr Phe Thr 290 295 300	912
gga tca att ggc cct gtc aag gtg gcg aaa atg acc ccc ctg gag ttc Gly Ser Ile Gly Pro Val Lys Val Ala Lys Met Thr Pro Leu Glu Phe 305 310 315 320	960
aac atc ttc ttt cag gga aag ctg cta tat gcg ttc tac atg ttc gtg Asn Ile Phe Phe Gln Gly Lys Leu Leu Tyr Ala Phe Tyr Met Phe Val 325 330 335	1008
ttg cca tct gtg tac ggt gtt cac tcc gga gga act ttc ttg gca cta Leu Pro Ser Val Tyr Gly Val His Ser Gly Gly Thr Phe Leu Ala Leu 340 345 350	1056
tat gtg gct tct cag ctc att aca ggt tgg atg tta gct ttt ctt ttt Tyr Val Ala Ser Gln Leu Ile Thr Gly Trp Met Leu Ala Phe Leu Phe 355 360 365	1104
caa gta gca cat gtc gtg gat gat gtt gca ttt cct aca cca gaa ggt Gln Val Ala His Val Val Asp Asp Val Ala Phe Pro Thr Pro Glu Gly 370 375 380	1152

16

ggg aag gtg aag gga gga tgg gct gca atg cag gtt gca aca act acg 1200
 Gly Lys Val Lys Gly Gly Trp Ala Ala Met Gln Val Ala Thr Thr Thr
 385 390 395 400
 gat ttc agt cca cgc tca tgg ttc tgg ggt cat gtc tct gga gga tta 1248
 Asp Phe Ser Pro Arg Ser Trp Phe Trp Gly His Val Ser Gly Gly Leu
 405 410 415
 aac aac caa att gag cat cat ctg ttt cca gga gtg tgc cat gtt cat 1296
 Asn Asn Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Val Cys His Val His
 420 425 430
 tat cca gcc att cag cct att gtc gag aag acg tgc aag gaa ttc gat 1344
 Tyr Pro Ala Ile Gln Pro Ile Val Glu Lys Thr Cys Lys Glu Phe Asp
 435 440 445
 gtg cct tat gta gcc tac cca act ttt tgg act gcg ttg aga gcc cac 1392
 Val Pro Tyr Val Ala Tyr Pro Thr Phe Trp Thr Ala Leu Arg Ala His
 450 455 460
 ttt gcg cat ttg aaa aag gtt gga ttg aca gag ttt cgg ctc gat ggc 1440
 Phe Ala His Leu Lys Lys Val Gly Leu Thr Glu Phe Arg Leu Asp Gly
 465 470 475 480
 tga 1443

<210> 10
 <211> 480
 <212> PRT
 <213> Physcomitrella patens

<400> 10

Met Ala Pro His Ser Ala Asp Thr Ala Gly Leu Val Pro Ser Asp Glu
 1 5 10 15

Leu Arg Leu Arg Thr Ser Asn Ser Lys Gly Pro Glu Gln Glu Gln Thr
 20 25 30

Leu Lys Lys Tyr Thr Leu Glu Asp Val Ser Arg His Asn Thr Pro Ala
 35 40 45

Asp Cys Trp Leu Val Ile Trp Gly Lys Val Tyr Asp Val Thr Ser Trp
 50 55 60

Ile Pro Asn His Pro Gly Gly Ser Leu Ile His Val Lys Ala Gly Gln
 65 70 75 80

Asp Ser Thr Gln Leu Phe Asp Ser Tyr His Pro Leu Tyr Val Arg Lys
 85 90 95

Met Leu Ala Lys Tyr Cys Ile Gly Glu Leu Val Pro Ser Ala Gly Asp
 100 105 110

Asp Lys Phe Lys Lys Ala Thr Leu Glu Tyr Ala Asp Ala Glu Asn Glu
 115 120 125

Asp Phe Tyr Leu Val Val Lys Gln Arg Val Glu Ser Tyr Phe Lys Ser
 130 135 140

Asn Lys Ile Asn Pro Gln Ile His Pro His Met Ile Leu Lys Ser Leu
 145 150 155 160

Phe Ile Leu Gly Gly Tyr Phe Ala Ser Tyr Tyr Leu Ala Phe Phe Trp
 165 170 175

Ser Ser Ser Val Leu Val Ser Leu Phe Phe Ala Leu Trp Met Gly Phe
 180 185 190

Phe Ala Ala Glu Val Gly Val Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly
 195 200 205

Ser Tyr Thr Lys Trp Arg Gly Phe Gly Tyr Ile Met Gly Ala Ser Leu
 210 215 220

Asp Leu Val Gly Ala Ser Ser Phe Met Trp Arg Gln Gln His Val Val
 225 230 235 240

Gly His His Ser Phe Thr Asn Val Asp Asn Tyr Asp Pro Asp Ile Arg
 245 250 255

Val Lys Asp Pro Asp Val Arg Arg Val Ala Thr Thr Gln Pro Arg Gln
 260 265 270

Trp Tyr His Ala Tyr Gln His Ile Tyr Leu Ala Val Leu Tyr Gly Thr
 275 280 285

Leu Ala Leu Lys Ser Ile Phe Leu Asp Asp Phe Leu Ala Tyr Phe Thr
 290 295 300

Gly Ser Ile Gly Pro Val Lys Val Ala Lys Met Thr Pro Leu Glu Phe
 305 310 315 320

Asn Ile Phe Phe Gln Gly Lys Leu Leu Tyr Ala Phe Tyr Met Phe Val
 325 330 335

Leu Pro Ser Val Tyr Gly Val His Ser Gly Gly Thr Phe Leu Ala Leu
 340 345 350

Tyr Val Ala Ser Gln Leu Ile Thr Gly Trp Met Leu Ala Phe Leu Phe
 355 360 365

Gln Val Ala His Val Val Asp Asp Val Ala Phe Pro Thr Pro Glu Gly
 370 375 380

Gly Lys Val Lys Gly Gly Trp Ala Ala Met Gln Val Ala Thr Thr Thr
 385 390 395 400

Asp Phe Ser Pro Arg Ser Trp Phe Trp Gly His Val Ser Gly Gly Leu
 405 410 415

Asn Asn Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Gly Val Cys His Val His
 420 425 430

Tyr Pro Ala Ile Gln Pro Ile Val Glu Lys Thr Cys Lys Glu Phe Asp
 435 440 445

Val Pro Tyr Val Ala Tyr Pro Thr Phe Trp Thr Ala Leu Arg Ala His
 450 455 460

Phe Ala His Leu Lys Lys Val Gly Leu Thr Glu Phe Arg Leu Asp Gly
 465 470 475 480

<210> 11
 <211> 1320
 <212> DNA
 <213> Thraustrochytrium

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1320)
 <223>

<400> 11
 atg ggc aag ggc agc gag ggc cgc agc gcg gcg cgc gag atg acg gcc 48
 Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
 1 5 10 15
 gag gcg aac ggc gac aag cgg aaa acg att ctg atc gag ggc gtc ctg 96
 Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
 20 25 30
 tac gac gcg acg aac ttt aag cac ccg ggc ggt tcg atc atc aac ttc 144
 Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
 35 40 45
 ttg acc gag ggc gag gcc ggc gtg gac gcg acg cag gcg tac cgc gag 192
 Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
 50 55 60
 ttt cat cag cgg tcc ggc aag gcc gac aag tac ctc aag tcg ctg ccg 240
 Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
 65 70 75 80
 aag ctg gat gcg tcc aag gtg gag tcg cgg ttc tcg gcc aaa gag cag 288
 Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
 85 90 95
 gcg cgg cgc gac gcc atg acg cgc gac tac gcg gcc ttt cgc gag gag 336
 Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
 100 105 110
 ctc gtc gcc gag ggg tac ttt gac ccg tcg atc ccg cac atg att tac 384
 Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
 115 120 125
 cgc gtc gtg gag atc gtg gcg ctc ttc gcg ctc tcg ttc tgg ctc atg 432
 Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
 130 135 140
 tcc aag gcc tcg ccc acc tcg ctc gtg ctg ggc gtg gtg atg aac ggc 480
 Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly

145	150	155	160	
att gcg cag ggc cgc tgc ggc tgg gtc atg cac gag atg ggc cac ggg Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly	165	170	175	528
tcg ttc acg ggc gtc atc tgg ctc gac gac cgg atg tgc gag ttc ttc Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe	180	185	190	576
tac ggc gtc ggc tgc ggc atg agc ggg cac tac tgg aag aac cag cac Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His	195	200	205	624
agc aag cac cac gcc gcg ccc aac cgc ctc gag cac gat gtc gat ctc Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu	210	215	220	672
aac acg ctg ccc ctg gtc gcc ttt aac gag cgc gtc gtg cgc aag gtc Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val	225	230	235	720
aag ccg gga tcg ctg ctg gcg ctc tgg ctg cgc gtg cag gcg tac ctc Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu	245	250	255	768
ttt gcg ccc gtc tcg tgc ctg ctc atc ggc ctt ggc tgg acg ctc tac Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr	260	265	270	816
ctg cac ccg cgc tac atg ctg cgc acc aag cgg cac atg gag ttc gtc Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val	275	280	285	864
tgg atc ttc gcg cgc tac att ggc tgg ttc tcg ctc atg ggc gct ctc Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu	290	295	300	912
ggc tac tcg ccg ggc acc tcg gtc ggg atg tac ctg tgc tcg ttc ggc Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly	305	310	315	960
ctc ggc tgc att tac att ttc ctg cag ttc gcc gtc agc cac acg cac Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His	325	330	335	1008
ctg ccg gtg acc aac ccg gag gac cag ctg cac tgg ctc gag tac gcg Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala	340	345	350	1056
gcc gac cac acg gtg aac att agc acc aag tcc tgg ctc gtc acg tgg Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp	355	360	365	1104
tgg atg tcg aac ctg aac ttt cag atc gag cac cac ctc ttc ccc acg Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr	370	375	380	1152
gcg ccg cag ttc cgc ttc aag gaa atc agt cct cgc gtc gag gcc ctc Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu	385	390	395	1200
ttc aag cgc cac aac ctc ccg tac tac gac ctg ccc tac acg agc gcg Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala	405	410	415	1248
gtc tcg acc acc ttt gcc aat ctt tat tcc gtc ggc cac tcg gtc ggc Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly				1296

420 425 430
 gcc gac acc aag aag cag gac tga 1320
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435

 <210> 12
 <211> 439
 <212> PRT
 <213> Thraustrochytrium

 <400> 12
 Met Gly Lys Gly Ser Glu Gly Arg Ser Ala Ala Arg Glu Met Thr Ala
 1 5 10 15

 Glu Ala Asn Gly Asp Lys Arg Lys Thr Ile Leu Ile Glu Gly Val Leu
 20 25 30

 Tyr Asp Ala Thr Asn Phe Lys His Pro Gly Gly Ser Ile Ile Asn Phe
 35 40 45

 Leu Thr Glu Gly Glu Ala Gly Val Asp Ala Thr Gln Ala Tyr Arg Glu
 50 55 60

 Phe His Gln Arg Ser Gly Lys Ala Asp Lys Tyr Leu Lys Ser Leu Pro
 65 70 75 80

 Lys Leu Asp Ala Ser Lys Val Glu Ser Arg Phe Ser Ala Lys Glu Gln
 85 90 95

 Ala Arg Arg Asp Ala Met Thr Arg Asp Tyr Ala Ala Phe Arg Glu Glu
 100 105 110

 Leu Val Ala Glu Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Ile Pro His Met Ile Tyr
 115 120 125

 Arg Val Val Glu Ile Val Ala Leu Phe Ala Leu Ser Phe Trp Leu Met
 130 135 140

 Ser Lys Ala Ser Pro Thr Ser Leu Val Leu Gly Val Val Met Asn Gly
 145 150 155 160

 Ile Ala Gln Gly Arg Cys Gly Trp Val Met His Glu Met Gly His Gly
 165 170 175

 Ser Phe Thr Gly Val Ile Trp Leu Asp Asp Arg Met Cys Glu Phe Phe
 180 185 190

 Tyr Gly Val Gly Cys Gly Met Ser Gly His Tyr Trp Lys Asn Gln His
 195 200 205

 Ser Lys His His Ala Ala Pro Asn Arg Leu Glu His Asp Val Asp Leu
 210 215 220

Asn Thr Leu Pro Leu Val Ala Phe Asn Glu Arg Val Val Arg Lys Val
 225 230 235 240
 Lys Pro Gly Ser Leu Leu Ala Leu Trp Leu Arg Val Gln Ala Tyr Leu
 245 250 255
 Phe Ala Pro Val Ser Cys Leu Leu Ile Gly Leu Gly Trp Thr Leu Tyr
 260 265 270
 Leu His Pro Arg Tyr Met Leu Arg Thr Lys Arg His Met Glu Phe Val
 275 280 285
 Trp Ile Phe Ala Arg Tyr Ile Gly Trp Phe Ser Leu Met Gly Ala Leu
 290 295 300
 Gly Tyr Ser Pro Gly Thr Ser Val Gly Met Tyr Leu Cys Ser Phe Gly
 305 310 315 320
 Leu Gly Cys Ile Tyr Ile Phe Leu Gln Phe Ala Val Ser His Thr His
 325 330 335
 Leu Pro Val Thr Asn Pro Glu Asp Gln Leu His Trp Leu Glu Tyr Ala
 340 345 350
 Ala Asp His Thr Val Asn Ile Ser Thr Lys Ser Trp Leu Val Thr Trp
 355 360 365
 Trp Met Ser Asn Leu Asn Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr
 370 375 380
 Ala Pro Gln Phe Arg Phe Lys Glu Ile Ser Pro Arg Val Glu Ala Leu
 385 390 395 400
 Phe Lys Arg His Asn Leu Pro Tyr Tyr Asp Leu Pro Tyr Thr Ser Ala
 405 410 415
 Val Ser Thr Thr Phe Ala Asn Leu Tyr Ser Val Gly His Ser Val Gly
 420 425 430
 Ala Asp Thr Lys Lys Gln Asp
 435

<210> 13
 <211> 1341
 <212> DNA
 <213> Mortierella alpina
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1341)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 13
 atg gga acg gac caa gga aaa acc ttc acc tgg gaa gag ctg gcg gcc 48
 Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Glu Glu Leu Ala Ala
 1 5 10 15

cat aac acc aag gac gac cta ctc ttg gcc atc cgc ggc agg gtg tac 96
 His Asn Thr Lys Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Arg Val Tyr
 20 25 30

gat gtc aca aag ttc ttg agc cgc cat cct ggt gga gtg gac act ctc 144
 Asp Val Thr Lys Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Gly Val Asp Thr Leu
 35 40 45

ctg ctc gga gct ggc cga gat gtt act ccg gtc ttt gag atg tat cac 192
 Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His
 50 55 60

gcg ttt ggg gct gca gat gcc att atg aag aag tac tat gtc ggt aca 240
 Ala Phe Gly Ala Ala Asp Ala Ile Met Lys Lys Tyr Tyr Val Gly Thr
 65 70 75 80

ctg gtc tcg aat gag ctg ccc atc ttc ccg gag cca acg gtg ttc cac 288
 Leu Val Ser Asn Glu Leu Pro Ile Phe Pro Glu Pro Thr Val Phe His
 85 90 95

aaa acc atc aag acg aga gtc gag ggc tac ttt acg gat cgg aac att 336
 Lys Thr Ile Lys Thr Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Asp Arg Asn Ile
 100 105 110

gat ccc aag aat aga cca gag atc tgg gga cga tac gct ctt atc ttt 384
 Asp Pro Lys Asn Arg Pro Glu Ile Trp Gly Arg Tyr Ala Leu Ile Phe
 115 120 125

gga tcc ttg atc gct tcc tac tac gcg cag ctc ttt gtg cct ttc gtt 432
 Gly Ser Leu Ile Ala Ser Tyr Ala Gln Leu Phe Val Pro Phe Val
 130 135 140

gtc gaa cgc aca tgg ctt cag gtg gtg ttt gca atc atc atg gga ttt 480
 Val Glu Arg Thr Trp Leu Gln Val Val Phe Ala Ile Ile Met Gly Phe
 145 150 155 160

gcg tgc gca caa gtc gga ctc aac cct ctt cat gat gcg tct cac ttt 528
 Ala Cys Ala Gln Val Gly Leu Asn Pro Leu His Asp Ala Ser His Phe
 165 170 175

tca gtg acc cac aac ccc act gtc tgg aag att ctg gga gcc acg cac 576
 Ser Val Thr His Asn Pro Thr Val Trp Lys Ile Leu Gly Ala Thr His
 180 185 190

gac ttt ttc aac gga gca tcg tac ctg gtg tgg atg tac caa cat atg 624
 Asp Phe Phe Asn Gly Ala Ser Tyr Leu Val Trp Met Tyr Gln His Met
 195 200 205

ctc ggc cat cac ccc tac acc aac att gct gga gca gat ccc gac gtg 672
 Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Ile Ala Gly Ala Asp Pro Asp Val
 210 215 220

tcg acg tct gag ccc gat gtt cgt cgt atc aag ccc aac caa aag tgg 720
 Ser Thr Ser Glu Pro Asp Val Arg Arg Ile Lys Pro Asn Gln Lys Trp
 225 230 235 240

ttt gtc aac cac atc aac cag cac atg ttt gtt cct ttc ctg tac gga 768
 Phe Val Asn His Ile Asn Gln His Met Phe Val Pro Phe Leu Tyr Gly
 245 250 255

ctg ctg gcg ttc aag gtg cgc att cag gac atc aac att ttg tac ttt 816
 Leu Leu Ala Phe Lys Val Arg Ile Gln Asp Ile Asn Ile Leu Tyr Phe

260	265	270	
gtc aag acc aat gac gct att cgt gtc aat ccc atc tcg aca tgg cac Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His 275 280 285			864
act gtg atg ttc tgg ggc ggc aag gct ttc ttt gtc tgg tat cgc ctg Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu 290 295 300			912
att gtt ccc ctg cag tat ctg ccc ctg ggc aag gtg ctg ctc ttg ttc Ile Val Pro Leu Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Lys Val Leu Leu Leu Phe 305 310 315 320			960
acg gtc gcg gac atg gtg tcg tct tac tgg ctg gcg ctg acc ttc cag Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln 325 330 335			1008
gcg aac cac gtt gtt gag gaa gtt cag tgg ccg ttg cct gac gag aac Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn 340 345 350			1056
ggg atc atc caa aag gac tgg gca gct atg cag gtc gag act acg cag Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln 355 360 365			1104
gat tac gca cac gat tcg cac ctc tgg acc agc atc act ggc agc ttg Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu 370 375 380			1152
aac tac cag gct gtg cac cat ctg ttc ccc aac gtg tcg cag cac cat Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His 385 390 395 400			1200
tat ccc gat att ctg gcc atc atc aag aac acc tgc agc gag tac aag Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys 405 410 415			1248
gtt cca tac ctt gtc aag gat acg ttt tgg caa gca ttt gct tca cat Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His 420 425 430			1296
ttg gag cac ttg cgt gtt ctt gga ctc cgt ccc aag gaa gag tag Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu 435 440 445			1341
<210> 14			
<211> 446			
<212> PRT			
<213> Mortierella alpina			
<400> 14			
Met Gly Thr Asp Gln Gly Lys Thr Phe Thr Trp Glu Glu Leu Ala Ala 1 5 10 15			
His Asn Thr Lys Asp Asp Leu Leu Leu Ala Ile Arg Gly Arg Val Tyr 20 25 30			
Asp Val Thr Lys Phe Leu Ser Arg His Pro Gly Gly Val Asp Thr Leu 35 40 45			
Leu Leu Gly Ala Gly Arg Asp Val Thr Pro Val Phe Glu Met Tyr His 50 55 60			

Ala Phe Gly Ala Ala Asp Ala Ile Met Lys Lys Tyr Tyr Val Gly Thr
65 70 75 80

Leu Val Ser Asn Glu Leu Pro Ile Phe Pro Glu Pro Thr Val Phe His
85 90 95

Lys Thr Ile Lys Thr Arg Val Glu Gly Tyr Phe Thr Asp Arg Asn Ile
100 105 110

Asp Pro Lys Asn Arg Pro Glu Ile Trp Gly Arg Tyr Ala Leu Ile Phe
115 120 125

Gly Ser Leu Ile Ala Ser Tyr Tyr Ala Gln Leu Phe Val Pro Phe Val
130 135 140

Val Glu Arg Thr Trp Leu Gln Val Val Phe Ala Ile Ile Met Gly Phe
145 150 155 160

Ala Cys Ala Gln Val Gly Leu Asn Pro Leu His Asp Ala Ser His Phe
165 170 175

Ser Val Thr His Asn Pro Thr Val Trp Lys Ile Leu Gly Ala Thr His
180 185 190

Asp Phe Phe Asn Gly Ala Ser Tyr Leu Val Trp Met Tyr Gln His Met
195 200 205

Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Ile Ala Gly Ala Asp Pro Asp Val
210 215 220

Ser Thr Ser Glu Pro Asp Val Arg Arg Ile Lys Pro Asn Gln Lys Trp
225 230 235 240

Phe Val Asn His Ile Asn Gln His Met Phe Val Pro Phe Leu Tyr Gly
245 250 255

Leu Leu Ala Phe Lys Val Arg Ile Gln Asp Ile Asn Ile Leu Tyr Phe
260 265 270

Val Lys Thr Asn Asp Ala Ile Arg Val Asn Pro Ile Ser Thr Trp His
275 280 285

Thr Val Met Phe Trp Gly Gly Lys Ala Phe Phe Val Trp Tyr Arg Leu
290 295 300

Ile Val Pro Leu Gln Tyr Leu Pro Leu Gly Lys Val Leu Leu Leu Phe
305 310 315 320

Thr Val Ala Asp Met Val Ser Ser Tyr Trp Leu Ala Leu Thr Phe Gln
325 330 335

Ala Asn His Val Val Glu Glu Val Gln Trp Pro Leu Pro Asp Glu Asn
 340 345 350

Gly Ile Ile Gln Lys Asp Trp Ala Ala Met Gln Val Glu Thr Thr Gln
 355 360 365

Asp Tyr Ala His Asp Ser His Leu Trp Thr Ser Ile Thr Gly Ser Leu
 370 375 380

Asn Tyr Gln Ala Val His His Leu Phe Pro Asn Val Ser Gln His His
 385 390 395 400

Tyr Pro Asp Ile Leu Ala Ile Ile Lys Asn Thr Cys Ser Glu Tyr Lys
 405 410 415

Val Pro Tyr Leu Val Lys Asp Thr Phe Trp Gln Ala Phe Ala Ser His
 420 425 430

Leu Glu His Leu Arg Val Leu Gly Leu Arg Pro Lys Glu Glu
 435 440 445

<210> 15
 <211> 1344
 <212> DNA
 <213> Caenorhabditis elegans

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1344)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 15
 atg gta tta cga gag caa gag cat gag cca ttc ttc att aaa att gat 48
 Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
 1 5 10 15
 gga aaa tgg tgt caa att gac gat gct gtc ctg aga tca cat cca ggt 96
 Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
 20 25 30
 ggt agt gca att act acc tat aaa aat atg gat gcc act acc gta ttc 144
 Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
 35 40 45
 cac aca ttc cat act ggt tct aaa gaa gcg tat caa tgg ctg aca gaa 192
 His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
 50 55 60
 ttg aaa aaa gag tgc cct aca caa gaa cca gag atc cca gat att aag 240
 Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
 65 70 75 80
 gat gac cca atc aaa gga att gat gat gtg aac atg gga act ttc aat 288
 Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
 85 90 95
 att tct gag aaa cga tct gcc caa ata aat aaa agt ttc act gat cta 336
 Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu

100	105	110	
cgt atg cga gtt cgt gca gaa gga ctt atg gat gga tct cct ttg ttc			384
Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe			
115	120	125	
tac att aga aaa att ctt gaa aca atc ttc aca att ctt ttt gca ttc			432
Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe			
130	135	140	
tac ctt caa tac cac aca tat tat ctt cca tca gct att cta atg gga			480
Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly			
145	150	155	160
ggt gcg tgg caa caa ttg gga tgg tta atc cat gaa ttc gca cat cat			528
Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His			
165	170	175	
cag ttg ttc aaa aac aga tac tac aat gat ttg gcc agc tat ttc gtt			576
Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val			
180	185	190	
gga aac ttt tta caa gga ttc tca tct ggt ggt tgg aaa gag cag cac			624
Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His			
195	200	205	
aat gtg cat cac gca gcc aca aat gtt gtt gga cga gac gga gat ctt			672
Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu			
210	215	220	
gat tta gtc cca ttc tat gct aca gtg gca gaa cat ctc aac aat tat			720
Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr			
225	230	235	240
tct cag gat tca tgg gtt atg act cta ttc aga tgg caa cat gtt cat			768
Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His			
245	250	255	
tgg aca ttc atg tta cca ttc ctc cgt ctc tcg tgg ctt ctt cag tca			816
Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser			
260	265	270	
atc att ttt gtt agt cag atg cca act cat tat tat gac tat tac aga			864
Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg			
275	280	285	
aat act gcg att tat gaa cag gtt ggt ctc tct ttg cac tgg gct tgg			912
Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp			
290	295	300	
tca ttg ggt caa ttg tat ttc cta ccc gat tgg tca act aga ata atg			960
Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met			
305	310	315	320
ttc ttc ctt gtt tct cat ctt gtt gga ggt ttc ctg ctc tct cat gta			1008
Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val			
325	330	335	
gtt act ttc aat cat tat tca gtg gag aag ttt gca ttg agc tcg aac			1056
Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn			
340	345	350	
atc atg tca aat tac gct tgt ctt caa atc atg acc aca aga aat atg			1104
Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met			
355	360	365	
aga cct gga aga ttc att gac tgg ctt tgg gga ggt ctt aac tat cag			1152
Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln			

370 375 380
 att gag cac cat ctt ttc cca acg atg cca cga cac aac ttg aac act 1200
 ile glu his his leu phe pro thr met pro arg his asn leu asn thr
 385 390 395 400

 gtt atg cca ctt gtt aag gag ttt gca gca gca aat ggt tta cca tac 1248
 val met pro leu val lys glu phe ala ala ala asn gly leu pro tyr
 405 410 415

 atg gtc gac gat tat ttc aca gga ttc tgg ctt gaa att gag caa ttc 1296
 met val asp asp tyr phe thr gly phe trp leu glu ile glu gln phe
 420 425 430

 cga aat att gca aat gtt gct gct aaa ttg act aaa aag att gcc tag 1344
 arg asn ile ala asn val ala ala lys leu thr lys lys ile ala
 435 440 445

 <210> 16
 <211> 447
 <212> PRT
 <213> Caenorhabditis elegans

 <400> 16

 Met Val Leu Arg Glu Gln Glu His Glu Pro Phe Phe Ile Lys Ile Asp
 1 5 10 15

 Gly Lys Trp Cys Gln Ile Asp Asp Ala Val Leu Arg Ser His Pro Gly
 20 25 30

 Gly Ser Ala Ile Thr Thr Tyr Lys Asn Met Asp Ala Thr Thr Val Phe
 35 40 45

 His Thr Phe His Thr Gly Ser Lys Glu Ala Tyr Gln Trp Leu Thr Glu
 50 55 60

 Leu Lys Lys Glu Cys Pro Thr Gln Glu Pro Glu Ile Pro Asp Ile Lys
 65 70 75 80

 Asp Asp Pro Ile Lys Gly Ile Asp Asp Val Asn Met Gly Thr Phe Asn
 85 90 95

 Ile Ser Glu Lys Arg Ser Ala Gln Ile Asn Lys Ser Phe Thr Asp Leu
 100 105 110

 Arg Met Arg Val Arg Ala Glu Gly Leu Met Asp Gly Ser Pro Leu Phe
 115 120 125

 Tyr Ile Arg Lys Ile Leu Glu Thr Ile Phe Thr Ile Leu Phe Ala Phe
 130 135 140

 Tyr Leu Gln Tyr His Thr Tyr Tyr Leu Pro Ser Ala Ile Leu Met Gly
 145 150 155 160

 Val Ala Trp Gln Gln Leu Gly Trp Leu Ile His Glu Phe Ala His His
 165 170 175

Gln Leu Phe Lys Asn Arg Tyr Tyr Asn Asp Leu Ala Ser Tyr Phe Val
 180 185 190

Gly Asn Phe Leu Gln Gly Phe Ser Ser Gly Gly Trp Lys Glu Gln His
 195 200 205

Asn Val His His Ala Ala Thr Asn Val Val Gly Arg Asp Gly Asp Leu
 210 215 220

Asp Leu Val Pro Phe Tyr Ala Thr Val Ala Glu His Leu Asn Asn Tyr
 225 230 235 240

Ser Gln Asp Ser Trp Val Met Thr Leu Phe Arg Trp Gln His Val His
 245 250 255

Trp Thr Phe Met Leu Pro Phe Leu Arg Leu Ser Trp Leu Leu Gln Ser
 260 265 270

Ile Ile Phe Val Ser Gln Met Pro Thr His Tyr Tyr Asp Tyr Tyr Arg
 275 280 285

Asn Thr Ala Ile Tyr Glu Gln Val Gly Leu Ser Leu His Trp Ala Trp
 290 295 300

Ser Leu Gly Gln Leu Tyr Phe Leu Pro Asp Trp Ser Thr Arg Ile Met
 305 310 315 320

Phe Phe Leu Val Ser His Leu Val Gly Gly Phe Leu Leu Ser His Val
 325 330 335

Val Thr Phe Asn His Tyr Ser Val Glu Lys Phe Ala Leu Ser Ser Asn
 340 345 350

Ile Met Ser Asn Tyr Ala Cys Leu Gln Ile Met Thr Thr Arg Asn Met
 355 360 365

Arg Pro Gly Arg Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln
 370 375 380

Ile Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Thr
 385 390 395 400

Val Met Pro Leu Val Lys Glu Phe Ala Ala Ala Asn Gly Leu Pro Tyr
 405 410 415

Met Val Asp Asp Tyr Phe Thr Gly Phe Trp Leu Glu Ile Glu Gln Phe
 420 425 430

Arg Asn Ile Ala Asn Val Ala Ala Lys Leu Thr Lys Lys Ile Ala
 435 440 445


```
<210> 17
<211> 1683
<212> DNA
<213> Borago officinalis
```

```
<220>
<221> CDS
<222> (42)..(1388)
<223> Delta-6-Desaturase
```

[illegible]

200	205	210	
tat ata cca ttc ctt gtt gtg tct tcc aag ttt ttt ggt tca ctc acc			728
Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe Phe Gly Ser Leu Thr			
215	220	225	
tct cat ttc tat gag aaa agg ttg act ttt gac tct tta tca aga ttc			776
Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp Ser Leu Ser Arg Phe			
230	235	240	245
ttt gta agt tat caa cat tgg aca ttt tac cct att atg tgt gct gct			824
Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro Ile Met Cys Ala Ala			
	250	255	260
agg ctc aat atg tat gta caa tct ctc ata atg ttg ttg acc aag aga			872
Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met Leu Leu Thr Lys Arg			
	265	270	275
aat gtg tcc tat cga gct cag gaa ctc ttg gga tgc cta gtg ttc tcg			920
Asn Val Ser Tyr Arg Ala Gln Glu Leu Leu Gly Cys Leu Val Phe Ser			
	280	285	290
att tgg tac ccg ttg ctt gtt tct tgt ttg cct aat tgg ggt gaa aga			968
Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg			
	295	300	305
att atg ttt gtt att gca agt tta tca gtg act gga atg caa caa gtt			1016
Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr Gly Met Gln Gln Val			
310	315	320	325
cag ttc tcc ttg aac cac ttc tct tca agt gtt tat gtt gga aag cct			1064
Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val Tyr Val Gly Lys Pro			
	330	335	340
aaa ggg aat aat tgg ttt gag aaa caa acg gat ggg aca ctt gac att			1112
Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp Gly Thr Leu Asp Ile			
	345	350	355
tct tgt cct cct tgg atg gat tgg ttt cat ggt gga ttg caa ttc caa			1160
Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln			
	360	365	370
att gag cat cat ttg ttt ccc aag atg cct aga tgc aac ctt agg aaa			1208
Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg Cys Asn Leu Arg Lys			
	375	380	385
atc tcg ccc tac gtg atc gag tta tgc aag aaa cat aat ttg cct tac			1256
Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr			
390	395	400	405
aat tat gca tct ttc tcc aag gcc aat gaa atg aca ctc aga aca ttg			1304
Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met Thr Leu Arg Thr Leu			
	410	415	420
agg aac aca gca ttg cag gct agg gat ata acc aag ccg ctc ccg aag			1352
Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr Lys Pro Leu Pro Lys			
	425	430	435
aat ttg gta tgg gaa gct ctt cac act cat ggt taa aattaccctt			1398
Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly			
	440	445	
agttcatgta ataatttgag atttatgtatc tccatgtttt gtgtcttgtc ttggtttctac			1458
ttgttggagt cattgcaact tgtctttttat gggtttattag atgttttttta atatatttta			1518
gaggtttttgc tttcatctcc attattgatg aataaggagt tgcattattgt caattgttgt			1578

gctcaatata tgatattttg gaatgtactt tgtaccactg tgttttcagt tgaagctcat 1638

gtgtactttct atagactttg tttaaatggg tatgtcatgt tattt 1683

<210> 18

<211> 448

<212> PRT

<213> Borago officinalis

<400> 18

Met Ala Ala Gln Ile Lys Lys Tyr Ile Thr Ser Asp Glu Leu Lys Asn
1 5 10 15

His Asp Lys Pro Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile Gln Gly Lys Ala Tyr
20 25 30

Asp Val Ser Asp Trp Val Lys Asp His Pro Gly Gly Ser Phe Pro Leu
35 40 45

Lys Ser Leu Ala Gly Gln Glu Val Thr Asp Ala Phe Val Ala Phe His
50 55 60

Pro Ala Ser Thr Trp Lys Asn Leu Asp Lys Phe Phe Thr Gly Tyr Tyr
65 70 75 80

Leu Lys Asp Tyr Ser Val Ser Glu Val Ser Lys Asp Tyr Arg Lys Leu
85 90 95

Val Phe Glu Phe Ser Lys Met Gly Leu Tyr Asp Lys Lys Gly His Ile
100 105 110

Met Phe Ala Thr Leu Cys Phe Ile Ala Met Leu Phe Ala Met Ser Val
115 120 125

Tyr Gly Val Leu Phe Cys Glu Gly Val Leu Val His Leu Phe Ser Gly
130 135 140

Cys Leu Met Gly Phe Leu Trp Ile Gln Ser Gly Trp Ile Gly His Asp
145 150 155 160

Ala Gly His Tyr Met Val Val Ser Asp Ser Arg Leu Asn Lys Phe Met
165 170 175

Gly Ile Phe Ala Ala Asn Cys Leu Ser Gly Ile Ser Ile Gly Trp Trp
180 185 190

Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys Asn Ser Leu Glu Tyr
195 200 205

Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Phe Leu Val Val Ser Ser Lys Phe
210 215 220

32

Phe Gly Ser Leu Thr Ser His Phe Tyr Glu Lys Arg Leu Thr Phe Asp
 225 230 235 240

Ser Leu Ser Arg Phe Phe Val Ser Tyr Gln His Trp Thr Phe Tyr Pro
 245 250 255

Ile Met Cys Ala Ala Arg Leu Asn Met Tyr Val Gln Ser Leu Ile Met
 260 265 270

Leu Leu Thr Lys Arg Asn Val Ser Tyr Arg Ala Gln Glu Leu Leu Gly
 275 280 285

Cys Leu Val Phe Ser Ile Trp Tyr Pro Leu Leu Val Ser Cys Leu Pro
 290 295 300

Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Val Ile Ala Ser Leu Ser Val Thr
 305 310 315 320

Gly Met Gln Gln Val Gln Phe Ser Leu Asn His Phe Ser Ser Ser Val
 325 330 335

Tyr Val Gly Lys Pro Lys Gly Asn Asn Trp Phe Glu Lys Gln Thr Asp
 340 345 350

Gly Thr Leu Asp Ile Ser Cys Pro Pro Trp Met Asp Trp Phe His Gly
 355 360 365

Gly Leu Gln Phe Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro Lys Met Pro Arg
 370 375 380

Cys Asn Leu Arg Lys Ile Ser Pro Tyr Val Ile Glu Leu Cys Lys Lys
 385 390 395 400

His Asn Leu Pro Tyr Asn Tyr Ala Ser Phe Ser Lys Ala Asn Glu Met
 405 410 415

Thr Leu Arg Thr Leu Arg Asn Thr Ala Leu Gln Ala Arg Asp Ile Thr
 420 425 430

Lys Pro Leu Pro Lys Asn Leu Val Trp Glu Ala Leu His Thr His Gly
 435 440 445

<210> 19
 <211> 1563
 <212> DNA
 <213> Ceratodon purpureus

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1563)
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 19

atg gtg tcc cag ggc ggc ggt ctc tcg cag ggt tcc att gaa gaa aac	48
Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn	
1 5 10 15	
att gac gtt gag cac ttg gca acg atg ccc ctc gtc agt gac ttc cta	96
Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu	
20 25 30	
aat gtc ctg gga acg act ttg ggc cag tgg agt ctt tcc act aca ttc	144
Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe	
35 40 45	
gct ttc aag agg ctc acg act aag aaa cac agt tcg gac atc tcg gtg	192
Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val	
50 55 60	
gag gca caa aaa gaa tcg gtt gcg cgg ggg cca gtt gag aat att tct	240
Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser	
65 70 75 80	
caa tcg gtt gcg cag ccc atc agg cgg agg tgg gtg cag gat aaa aag	288
Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys	
85 90 95	
ccg gtt act tac agc ctg aag gat gta gct tcg cac gat atg ccc cag	336
Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln	
100 105 110	
gac tgc tgg att ata atc aaa gag aag gtg tat gat gtg agc acc ttc	384
Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe	
115 120 125	
gct gag cag cac cct gga ggc acg gtt atc aac acc tac ttc gga cga	432
Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg	
130 135 140	
gac gcc aca gat gtt ttc tct act ttc cac gca tcc acc tca tgg aag	480
Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys	
145 150 155 160	
att ctt cag aat ttc tac atc ggg aac ctt gtt agg gag gag ccg act	528
Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr	
165 170 175	
ttg gag ctg ctg aag gag tac aga gag ttg aga gcc ctt ttc ttg aga	576
Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg	
180 185 190	
gaa cag ctt ttc aag agt tcc aaa tcc tac tac ctt ttc aag act ctc	624
Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu	
195 200 205	
ata aat gtt tcc att gtt gcc aca agc att gcg ata atc agt ctg tac	672
Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr	
210 215 220	
aag tct tac cgg gcg gtt ctg tta tca gcc agt ttg atg ggc ttg ttt	720
Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe	
225 230 235 240	
att caa cag tgc gga tgg ttg tct cac gat ttt cta cac cat cag gta	768
Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val	
245 250 255	
ttt gag aca cgc tgg ctc aat gac gtt gtt ggc tat gtg gtc ggc aac	816
Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn	
260 265 270	

gtt gtt ctg gga ttc agt gtc tcg tgg tgg aag acc aag cac aac ctg Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu 275 280 285	864
cat cat gct gct ccg aat gaa tgc gac caa aag tac aca ccg att gat His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp 290 295 300	912
gag gat att gat act ctc ccc atc att gct tgg agt aaa gat ctc ttg Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu 305 310 315 320	960
gcc act gtt gag agc aag acc atg ttg cga gtt ctt cag tac cag cac Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His 325 330 335	1008
cta ttc ttt ttg gtt ctt ttg acg ttt gcc cgg gcg agt tgg cta ttt Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe 340 345 350	1056
tgg agc gcg gcc ttc act ctc agg ccc gag ttg acc ctt ggc gag aag Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys 355 360 365	1104
ctt ttg gag agg gga acg atg gct ttg cac tac att tgg ttt aat agt Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser 370 375 380	1152
gtt gcg ttt tat ctg ctc ccc gga tgg aaa cca gtt gta tgg atg gtg Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val 385 390 395 400	1200
gtc agc gag ctc atg tct ggt ttc ctg ctg gga tac gta ttt gta ctc Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu 405 410 415	1248
agt cac aat gga atg gag gtg tac aat acg tca aag gac ttc gtg aat Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn 420 425 430	1296
gcc cag att gca tcg act cgc gac atc aaa gca ggg gtg ttt aat gat Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp 435 440 445	1344
tgg ttc acc gga ggt ctc aac aga cag att gag cat cat cta ttt cca Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro 450 455 460	1392
acg atg ccc agg cac aac ctt aat aaa att tct cct cac gtg gag act Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr 465 470 475 480	1440
ttg tgc aag aag cat gga ctg gtc tac gaa gac gtg agc atg gct tcg Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser 485 490 495	1488
ggc act tac ccg gtt ttg aaa aca ctt aag gac gtt gcc gat gct gct Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala 500 505 510	1536
tca cac cag cag ctt gct gcg agt tga Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser 515 520	1563

<210> 20
 <211> 520
 <212> PRT

<213> Ceratodon purpureus

<400> 20

Met Val Ser Gln Gly Gly Gly Leu Ser Gln Gly Ser Ile Glu Glu Asn
1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Leu Ala Thr Met Pro Leu Val Ser Asp Phe Leu
20 25 30

Asn Val Leu Gly Thr Thr Leu Gly Gln Trp Ser Leu Ser Thr Thr Phe
35 40 45

Ala Phe Lys Arg Leu Thr Thr Lys Lys His Ser Ser Asp Ile Ser Val
50 55 60

Glu Ala Gln Lys Glu Ser Val Ala Arg Gly Pro Val Glu Asn Ile Ser
65 70 75 80

Gln Ser Val Ala Gln Pro Ile Arg Arg Arg Trp Val Gln Asp Lys Lys
85 90 95

Pro Val Thr Tyr Ser Leu Lys Asp Val Ala Ser His Asp Met Pro Gln
100 105 110

Asp Cys Trp Ile Ile Ile Lys Glu Lys Val Tyr Asp Val Ser Thr Phe
115 120 125

Ala Glu Gln His Pro Gly Gly Thr Val Ile Asn Thr Tyr Phe Gly Arg
130 135 140

Asp Ala Thr Asp Val Phe Ser Thr Phe His Ala Ser Thr Ser Trp Lys
145 150 155 160

Ile Leu Gln Asn Phe Tyr Ile Gly Asn Leu Val Arg Glu Glu Pro Thr
165 170 175

Leu Glu Leu Leu Lys Glu Tyr Arg Glu Leu Arg Ala Leu Phe Leu Arg
180 185 190

Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Ser Tyr Tyr Leu Phe Lys Thr Leu
195 200 205

Ile Asn Val Ser Ile Val Ala Thr Ser Ile Ala Ile Ile Ser Leu Tyr
210 215 220

Lys Ser Tyr Arg Ala Val Leu Leu Ser Ala Ser Leu Met Gly Leu Phe
225 230 235 240

Ile Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe Leu His His Gln Val
245 250 255

Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Asp Val Val Gly Tyr Val Val Gly Asn
 260 265 270

Val Val Leu Gly Phe Ser Val Ser Trp Trp Lys Thr Lys His Asn Leu
 275 280 285

His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Lys Tyr Thr Pro Ile Asp
 290 295 300

Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Ile Ile Ala Trp Ser Lys Asp Leu Leu
 305 310 315 320

Ala Thr Val Glu Ser Lys Thr Met Leu Arg Val Leu Gln Tyr Gln His
 325 330 335

Leu Phe Phe Leu Val Leu Leu Thr Phe Ala Arg Ala Ser Trp Leu Phe
 340 345 350

Trp Ser Ala Ala Phe Thr Leu Arg Pro Glu Leu Thr Leu Gly Glu Lys
 355 360 365

Leu Leu Glu Arg Gly Thr Met Ala Leu His Tyr Ile Trp Phe Asn Ser
 370 375 380

Val Ala Phe Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro Val Val Trp Met Val
 385 390 395 400

Val Ser Glu Leu Met Ser Gly Phe Leu Leu Gly Tyr Val Phe Val Leu
 405 410 415

Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Thr Ser Lys Asp Phe Val Asn
 420 425 430

Ala Gln Ile Ala Ser Thr Arg Asp Ile Lys Ala Gly Val Phe Asn Asp
 435 440 445

Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu His His Leu Phe Pro
 450 455 460

Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ser Pro His Val Glu Thr
 465 470 475 480

Leu Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp Val Ser Met Ala Ser
 485 490 495

Gly Thr Tyr Arg Val Leu Lys Thr Leu Lys Asp Val Ala Asp Ala Ala
 500 505 510

Ser His Gln Gln Leu Ala Ala Ser
 515 520

<210> 21
 <211> 1434
 <212> DNA
 <213> *Phaeodactylum tricornutum*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1434)
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 21
 atg ggc aaa gga ggg gac gct cgg gcc tcg aag ggc tca acg gcg gct 48
 Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15
 cgc aag atc agt tgg cag gaa gtc aag acc cac gcg tct ccg gag gac 96
 Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30
 gcc tgg atc att cac tcc aat aag gtc tac gac gtg tcc aac tgg cac 144
 Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 40 45
 gaa cat ccc gga ggc gcc gtc att ttc acg cac gcc ggt gac gac atg 192
 Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60
 acg gac att ttc gct gcc ttt cac gca ccc gga tcg cag tcg ctc atg 240
 Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80
 aag aag ttc tac att ggc gaa ttg ctc ccg gaa acc acc ggc aag gag 288
 Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
 85 90 95
 ccg cag caa atc gcc ttt gaa aag ggc tac cgc gat ctg cgc tcc aaa 336
 Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
 100 105 110
 ctc atc atg atg ggc atg ttc aag tcc aac aag tgg ttc tac gtc tac 384
 Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
 115 120 125
 aag tgc ctc agc aac atg gcc att tgg gcc gcc gcc tgt gct ctc gtc 432
 Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Cys Ala Leu Val
 130 135 140
 ttt tac tcg gac cgc ttc tgg gta cac ctg gcc agc gcc gtc atg ctg 480
 Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
 145 150 155 160
 gga aca ttc ttt cag cag tcg gga tgg ttg gca cac gac ttt ctg cac 528
 Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175
 cac cag gtc ttc acc aag cgc aag cac ggg gat ctc gga gga ctc ttt 576
 His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
 180 185 190
 tgg ggg aac ctc atg cag ggt tac tcc gta cag tgg tgg aaa aac aag 624
 Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
 195 200 205
 cac aac gga cac cac gcc gtc ccc aac ctc cac tgc tcc tcc gca gtc 672
 His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
 210 215 220

gcg caa gat ggg gac ccg gac atc gat acc atg ccc ctt ctc gcc tgg 720
 Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
 225 230 235 240

tcc gtc cag caa gcc cag tct tac cgg gaa ctc caa gcc gac gga aag 768
 Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
 245 250 255

gat tgc ggt ttg gtc aag ttc atg atc cgt aac caa tcc tac ttt tac 816
 Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
 260 265 270

ttt ccc atc ttg ttg ctc gcc cgc ctg tgc tgg ttg aac gag tcc ttc 864
 Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
 275 280 285

aag tgc gcc ttt ggg ctt gga gct gcg tgc gag aac gct gct ctc gaa 912
 Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 290 295 300

ctc aag gcc aag ggt ctt cag tac ccc ctt ttg gaa aag gct ggc atc 960
 Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320

ctg ctg cac tac gct tgg atg ctt aca gtt tgc tcc ggc ttt gga cgc 1008
 Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335

ttc tgc ttc gcg tac acc gca ttt tac ttt cta acc gcg acc gcg tcc 1056
 Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
 340 345 350

tgt gga ttc ttg ctc gcc att gtc ttt ggc ctc ggc cac aac ggc atg 1104
 Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
 355 360 365

gcc acc tac aat gcc gac gcc cgt ccg gac ttc tgg aag ctc caa gtc 1152
 Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
 370 375 380

acc acg act cgc aac gtc acg ggc gga cac ggt ttc ccc caa gcc ttt 1200
 Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
 385 390 395 400

gtc gac tgg ttc tgt ggt ggc ctc cag tac caa gtc gac cac cac tta 1248
 Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
 405 410 415

ttc ccc agc ctg ccc cga cac aat ctg gcc aag aca cac gca ctg gtc 1296
 Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
 420 425 430

gaa tgc ttc tgc aag gag tgg ggt gtc cag tac cac gaa gcc gac ctt 1344
 Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
 435 440 445

gtg gac ggg acc atg gaa gtc ttg cac cat ttg ggc agc gtg gcc ggc 1392
 Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
 450 455 460

gaa ttc gtc gtg gat ttt gta cgc gat gga ccc gcc atg taa 1434
 Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
 465 470 475

<210> 22
 <211> 477
 <212> PRT

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 22

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Arg Ala Ser Lys Gly Ser Thr Ala Ala
 1 5 10 15

Arg Lys Ile Ser Trp Gln Glu Val Lys Thr His Ala Ser Pro Glu Asp
 20 25 30

Ala Trp Ile Ile His Ser Asn Lys Val Tyr Asp Val Ser Asn Trp His
 35 40 45

Glu His Pro Gly Gly Ala Val Ile Phe Thr His Ala Gly Asp Asp Met
 50 55 60

Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala Pro Gly Ser Gln Ser Leu Met
 65 70 75 80

Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Glu Leu Leu Pro Glu Thr Thr Gly Lys Glu
 85 90 95

Pro Gln Gln Ile Ala Phe Glu Lys Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ser Lys
 100 105 110

Leu Ile Met Met Gly Met Phe Lys Ser Asn Lys Trp Phe Tyr Val Tyr
 115 120 125

Lys Cys Leu Ser Asn Met Ala Ile Trp Ala Ala Ala Cys Ala Leu Val
 130 135 140

Phe Tyr Ser Asp Arg Phe Trp Val His Leu Ala Ser Ala Val Met Leu
 145 150 155 160

Gly Thr Phe Phe Gln Gln Ser Gly Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His
 165 170 175

His Gln Val Phe Thr Lys Arg Lys His Gly Asp Leu Gly Gly Leu Phe
 180 185 190

Trp Gly Asn Leu Met Gln Gly Tyr Ser Val Gln Trp Trp Lys Asn Lys
 195 200 205

His Asn Gly His His Ala Val Pro Asn Leu His Cys Ser Ser Ala Val
 210 215 220

Ala Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp
 225 230 235 240

Ser Val Gln Gln Ala Gln Ser Tyr Arg Glu Leu Gln Ala Asp Gly Lys
 245 250 255

Asp Ser Gly Leu Val Lys Phe Met Ile Arg Asn Gln Ser Tyr Phe Tyr
 260 265 270

Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Leu Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe
 275 280 285

Lys Cys Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala Ser Glu Asn Ala Ala Leu Glu
 290 295 300

Leu Lys Ala Lys Gly Leu Gln Tyr Pro Leu Leu Glu Lys Ala Gly Ile
 305 310 315 320

Leu Leu His Tyr Ala Trp Met Leu Thr Val Ser Ser Gly Phe Gly Arg
 325 330 335

Phe Ser Phe Ala Tyr Thr Ala Phe Tyr Phe Leu Thr Ala Thr Ala Ser
 340 345 350

Cys Gly Phe Leu Leu Ala Ile Val Phe Gly Leu Gly His Asn Gly Met
 355 360 365

Ala Thr Tyr Asn Ala Asp Ala Arg Pro Asp Phe Trp Lys Leu Gln Val
 370 375 380

Thr Thr Thr Arg Asn Val Thr Gly Gly His Gly Phe Pro Gln Ala Phe
 385 390 395 400

Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln Tyr Gln Val Asp His His Leu
 405 410 415

Phe Pro Ser Leu Pro Arg His Asn Leu Ala Lys Thr His Ala Leu Val
 420 425 430

Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val Gln Tyr His Glu Ala Asp Leu
 435 440 445

Val Asp Gly Thr Met Glu Val Leu His His Leu Gly Ser Val Ala Gly
 450 455 460

Glu Phe Val Val Asp Phe Val Arg Asp Gly Pro Ala Met
 465 470 475

<210> 23
 <211> 1578
 <212> DNA
 <213> Physcomitrella patens

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1578)
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 23

atg gta ttc gcg ggc ggt gga ctt cag cag ggc tct ctc gaa gaa aac	48
Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn	
1 5 10 15	
atc gac gtc gag cac att gcc agt atg tct ctc ttc agc gac ttc ttc	96
Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe	
20 25 30	
agt tat gtg tct tca act gtt ggt tgc tgg agc gta cac agt ata caa	144
Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln	
35 40 45	
cct ttg aag cgc ctg acg agt aag aag cgt gtt tgc gaa agc gct gcc	192
Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala	
50 55 60	
gtg caa tgt ata tca gct gaa gtt cag aga aat tgc agt acc cag gga	240
Val Gln Cys Ile Ser Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly	
65 70 75 80	
act gcg gag gca ctc gca gaa tca gtc gtg aag ccc acg aga cga agg	288
Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg	
85 90 95	
tca tct cag tgg aag aag tgc aca cac ccc cta tca gaa gta gca gta	336
Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val	
100 105 110	
cac aac aag cca agc gat tgc tgg att gtt gta aaa aac aag gtg tat	384
His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr	
115 120 125	
gat gtt tcc aat ttt gcg gac gag cat ccc gga gga tca gtt att agt	432
Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser	
130 135 140	
act tat ttt gga cga gac ggc aca gat gtt ttc tct agt ttt cat gca	480
Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala	
145 150 155 160	
gct tct aca tgg aaa att ctt caa gac ttt tac att ggt gac gtg gag	528
Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu	
165 170 175	
agg gtg gag ccg act cca gag ctg ctg aaa gat ttc cga gaa atg aga	576
Arg Val Glu Thr Pro Glu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg	
180 185 190	
gct ctt ttc ctg agg gag caa ctt ttc aaa agt tgc aaa ttg tac tat	624
Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr	
195 200 205	
gtt atg aag ctg ctc acg aat gtt gct att ttt gct gcg agc att gca	672
Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala	
210 215 220	
ata ata tgt tgg agc aag act att tca gcg gtt ttg gct tca gct tgt	720
Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys	
225 230 235 240	
atg atg gct ctg tgt ttc caa cag tgc gga tgg cta tcc cat gat ttt	768
Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe	
245 250 255	
ctc cac aat cag gtg ttt gag aca cgc tgg ctt aat gaa gtt gtc ggg	816
Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly	
260 265 270	

tat gtg atc ggc aac gcc gtt ctg ggg ttt agt aca ggg tgg tgg aag	864
Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys	
275 280 285	
gag aag cat aac ctt cat cat gct gct cca aat gaa tgc gat cag act	912
Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr	
290 295 300	
tac caa cca att gat gaa gat att gat act ctc ccc ctc att gcc tgg	960
Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp	
305 310 315 320	
agc aag gac ata ctg gcc aca gtt gag aat aag aca ttc ttg cga atc	1008
Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile	
325 330 335	
ctc caa tac cag cat ctg ttc ttc atg ggt ctg tta ttt ttc gcc cgt	1056
Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg	
340 345 350	
ggg agt tgg ctc ttt tgg agc tgg aga tat acc tct aca gca gtg ctc	1104
Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu	
355 360 365	
tca cct gtc gac agg ttg ttg gag aag gga act gtt ctg ttt cac tac	1152
Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr	
370 375 380	
ttt tgg ttc gtc ggg aca gcg tgc tat ctt ctc cct ggt tgg aag cca	1200
Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro	
385 390 395 400	
tta gta tgg atg gcg gtg act gag ctc atg tcc ggc atg ctg ctg ggc	1248
Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly	
405 410 415	
ttt gta ttt gta ctt agc cac aat ggg atg gag gtt tat aat tgc tct	1296
Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser	
420 425 430	
aaa gaa ttc gtg agt gca cag atc gta tcc aca cgg gat atc aaa gga	1344
Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly	
435 440 445	
aac ata ttc aac gac tgg ttc act ggt ggc ctt aac agg caa ata gag	1392
Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu	
450 455 460	
cat cat ctt ttc cca aca atg ccc agg cat aat tta aac aaa ata gca	1440
His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala	
465 470 475 480	
cct aga gtg gag gtg ttc tgt aag aaa cac ggt ctg gtg tac gaa gac	1488
Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp	
485 490 495	
gta tct att gct acc ggc act tgc aag gtt ttg aaa gca ttg aag gaa	1536
Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu	
500 505 510	
gtc gcg gag gct gcg gca gag cag cat gct acc acc agt taa	1578
Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser	
515 520 525	

<210> 24
 <211> 525
 <212> PRT

<213> Physcomitrella patens

<400> 24

Met Val Phe Ala Gly Gly Gly Leu Gln Gln Gly Ser Leu Glu Glu Asn
 1 5 10 15

Ile Asp Val Glu His Ile Ala Ser Met Ser Leu Phe Ser Asp Phe Phe
 20 25 30

Ser Tyr Val Ser Ser Thr Val Gly Ser Trp Ser Val His Ser Ile Gln
 35 40 45

Pro Leu Lys Arg Leu Thr Ser Lys Lys Arg Val Ser Glu Ser Ala Ala
 50 55 60

Val Gln Cys Ile Ser Ala Glu Val Gln Arg Asn Ser Ser Thr Gln Gly
 65 70 75 80

Thr Ala Glu Ala Leu Ala Glu Ser Val Val Lys Pro Thr Arg Arg Arg
 85 90 95

Ser Ser Gln Trp Lys Lys Ser Thr His Pro Leu Ser Glu Val Ala Val
 100 105 110

His Asn Lys Pro Ser Asp Cys Trp Ile Val Val Lys Asn Lys Val Tyr
 115 120 125

Asp Val Ser Asn Phe Ala Asp Glu His Pro Gly Gly Ser Val Ile Ser
 130 135 140

Thr Tyr Phe Gly Arg Asp Gly Thr Asp Val Phe Ser Ser Phe His Ala
 145 150 155 160

Ala Ser Thr Trp Lys Ile Leu Gln Asp Phe Tyr Ile Gly Asp Val Glu
 165 170 175

Arg Val Glu Pro Thr Pro Glu Leu Leu Lys Asp Phe Arg Glu Met Arg
 180 185 190

Ala Leu Phe Leu Arg Glu Gln Leu Phe Lys Ser Ser Lys Leu Tyr Tyr
 195 200 205

Val Met Lys Leu Leu Thr Asn Val Ala Ile Phe Ala Ala Ser Ile Ala
 210 215 220

Ile Ile Cys Trp Ser Lys Thr Ile Ser Ala Val Leu Ala Ser Ala Cys
 225 230 235 240

Met Met Ala Leu Cys Phe Gln Gln Cys Gly Trp Leu Ser His Asp Phe
 245 250 255

Leu His Asn Gln Val Phe Glu Thr Arg Trp Leu Asn Glu Val Val Gly
 260 265 270

Tyr Val Ile Gly Asn Ala Val Leu Gly Phe Ser Thr Gly Trp Trp Lys
 275 280 285

Glu Lys His Asn Leu His His Ala Ala Pro Asn Glu Cys Asp Gln Thr
 290 295 300

Tyr Gln Pro Ile Asp Glu Asp Ile Asp Thr Leu Pro Leu Ile Ala Trp
 305 310 315 320

Ser Lys Asp Ile Leu Ala Thr Val Glu Asn Lys Thr Phe Leu Arg Ile
 325 330 335

Leu Gln Tyr Gln His Leu Phe Phe Met Gly Leu Leu Phe Phe Ala Arg
 340 345 350

Gly Ser Trp Leu Phe Trp Ser Trp Arg Tyr Thr Ser Thr Ala Val Leu
 355 360 365

Ser Pro Val Asp Arg Leu Leu Glu Lys Gly Thr Val Leu Phe His Tyr
 370 375 380

Phe Trp Phe Val Gly Thr Ala Cys Tyr Leu Leu Pro Gly Trp Lys Pro
 385 390 395 400

Leu Val Trp Met Ala Val Thr Glu Leu Met Ser Gly Met Leu Leu Gly
 405 410 415

Phe Val Phe Val Leu Ser His Asn Gly Met Glu Val Tyr Asn Ser Ser
 420 425 430

Lys Glu Phe Val Ser Ala Gln Ile Val Ser Thr Arg Asp Ile Lys Gly
 435 440 445

Asn Ile Phe Asn Asp Trp Phe Thr Gly Gly Leu Asn Arg Gln Ile Glu
 450 455 460

His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg His Asn Leu Asn Lys Ile Ala
 465 470 475 480

Pro Arg Val Glu Val Phe Cys Lys Lys His Gly Leu Val Tyr Glu Asp
 485 490 495

Val Ser Ile Ala Thr Gly Thr Cys Lys Val Leu Lys Ala Leu Lys Glu
 500 505 510

Val Ala Glu Ala Ala Ala Glu Gln His Ala Thr Thr Ser
 515 520 525

<210> 25
 <211> 1332
 <212> DNA
 <213> Caenorhabditis elegans

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1332)
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 25
 atg gtc gtc gac aag aat gcc tcc ggg ctt cga atg aag gtc gat ggc 48
 Met Val Val Asp Lys Asn Ala Ser Gly Leu Arg Met Lys Val Asp Gly
 1 5 10 15

aaa tgg ctc tac ctt agc gag gaa ttg gtg aag aaa cat cca gga gga 96
 Lys Trp Leu Tyr Leu Ser Glu Glu Leu Val Lys Lys His Pro Gly Gly
 20 25 30

gct gtt att gaa caa tat aga aat tgc gat gct act cat att ttc cac 144
 Ala Val Ile Glu Gln Tyr Arg Asn Ser Asp Ala Thr His Ile Phe His
 35 40 45

gct ttc cac gaa gga tct tct cag gct tat aag caa ctt gac ctt ctg 192
 Ala Phe His Glu Gly Ser Ser Gln Ala Tyr Lys Gln Leu Asp Leu Leu
 50 55 60

aaa aag cac gga gag cac gat gaa ttc ctt gag aaa caa ttg gaa aag 240
 Lys Lys His Gly Glu His Asp Glu Phe Leu Glu Lys Gln Leu Glu Lys
 65 70 75 80

aga ctt gac aaa gtt gat atc aat gta tca gca tat gat gtc agt gtt 288
 Arg Leu Asp Lys Val Asp Ile Asn Val Ser Ala Tyr Asp Val Ser Val
 85 90 95

gca caa gaa aag aaa atg gtt gaa tca ttc gaa aaa cta cga cag aag 336
 Ala Gln Glu Lys Lys Met Val Glu Ser Phe Glu Lys Leu Arg Gln Lys
 100 105 110

ctt cat gat gat gga tta atg aaa gca aat gaa aca tat ttc ctg ttt 384
 Leu His Asp Asp Gly Leu Met Lys Ala Asn Glu Thr Tyr Phe Leu Phe
 115 120 125

aaa gcg att tca aca ctt tca att atg gca ttt gca ttt tat ctt cag 432
 Lys Ala Ile Ser Thr Leu Ser Ile Met Ala Phe Ala Phe Tyr Leu Gln
 130 135 140

tat ctt gga tgg tat att act tct gca tgt tta tta gca ctt gca tgg 480
 Tyr Leu Gly Trp Tyr Ile Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ala Leu Ala Trp
 145 150 155 160

caa caa ttc gga tgg tta aca cat gag ttc tgc cat caa cag cca aca 528
 Gln Gln Phe Gly Trp Leu Thr His Glu Phe Cys His Gln Gln Pro Thr
 165 170 175

aag aac aga cct ttg aat gat act att tct ttg ttc ttt ggt aat ttc 576
 Lys Asn Arg Pro Leu Asn Asp Thr Ile Ser Leu Phe Phe Gly Asn Phe
 180 185 190

tta caa gga ttt tca aga gat tgg tgg aag gac aag cat aac act cat 624
 Leu Gln Gly Phe Ser Arg Asp Trp Trp Lys Asp Lys His Asn Thr His
 195 200 205

cac gct gcc aca aat gta att gat cat gac ggt gat atc gac ttg gca 672
 His Ala Ala Thr Asn Val Ile Asp His Asp Gly Asp Ile Asp Leu Ala
 210 215 220

cca ctt ttc gca ttt att cca gga gat ttg tgc aag tat aag gcc agc 720
 Pro Leu Phe Ala Phe Ile Pro Gly Asp Leu Cys Lys Tyr Lys Ala Ser
 225 230 235 240

ttt gaa aaa gca att ctc aag att gta cca tat caa cat ctc tat ttc 768
 Phe Glu Lys Ala Ile Leu Lys Ile Val Pro Tyr Gln His Leu Tyr Phe
 245 250 255

acc gca atg ctt cca atg ctc cgt ttc tca tgg act ggt cag tca gtt 816
 Thr Ala Met Leu Pro Met Leu Arg Phe Ser Trp Thr Gly Gln Ser Val
 260 265 270

caa tgg gta ttc aaa gag aat caa atg gag tac aag gtc tat caa aga 864
 Gln Trp Val Phe Lys Glu Asn Gln Met Glu Tyr Lys Val Tyr Gln Arg
 275 280 285

aat gca ttc tgg gag caa gca aca att gtt gga cat tgg gct tgg gta 912
 Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
 290 295 300

ttc tat caa ttg ttc tta tta cca aca tgg cca ctt cgg gtt gct tat 960
 Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
 305 310 315 320

ttc att att tca caa atg gga gga ggc ctt ttg att gct cac gta gtc 1008
 Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
 325 330 335

act ttc aac cat aac tct gtt gat aag tat cca gcc aat tct cga att 1056
 Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
 340 345 350

tta aac aac ttc gcc gct ctt caa att ttg acc aca cgc aac atg act 1104
 Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
 355 360 365

cca tct cca ttc att gat tgg ctt tgg ggt gga ctc aat tat cag atc 1152
 Pro Ser Pro Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile
 370 375 380

gag cac cac ttg ttc cca aca atg cca cgt tgc aat ctg aat gct tgc 1200
 Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg Cys Asn Leu Asn Ala Cys
 385 390 395 400

gtg aaa tat gtg aaa gaa tgg tgc aaa gag aat aat ctt cct tac ctc 1248
 Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
 405 410 415

gtc gat gac tac ttt gac gga tat gca atg aat ttg caa caa ttg aaa 1296
 Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
 420 425 430

aat atg gct gag cac att caa gct aaa gct gcc taa 1332
 Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
 435 440

<210> 26
 <211> 443
 <212> PRT
 <213> Caenorhabditis elegans

<400> 26

Met Val Val Asp Lys Asn Ala Ser Gly Leu Arg Met Lys Val Asp Gly
 1 5 10 15

Lys Trp Leu Tyr Leu Ser Glu Glu Leu Val Lys Lys His Pro Gly Gly
20 25 30

Ala Val Ile Glu Gln Tyr Arg Asn Ser Asp Ala Thr His Ile Phe His
35 40 45

Ala Phe His Glu Gly Ser Ser Gln Ala Tyr Lys Gln Leu Asp Leu Leu
50 55 60

Lys Lys His Gly Glu His Asp Glu Phe Leu Glu Lys Gln Leu Glu Lys
65 70 75 80

Arg Leu Asp Lys Val Asp Ile Asn Val Ser Ala Tyr Asp Val Ser Val
85 90 95

Ala Gln Glu Lys Lys Met Val Glu Ser Phe Glu Lys Leu Arg Gln Lys
100 105 110

Leu His Asp Asp Gly Leu Met Lys Ala Asn Glu Thr Tyr Phe Leu Phe
115 120 125

Lys Ala Ile Ser Thr Leu Ser Ile Met Ala Phe Ala Phe Tyr Leu Gln
130 135 140

Tyr Leu Gly Trp Tyr Ile Thr Ser Ala Cys Leu Leu Ala Leu Ala Trp
145 150 155 160

Gln Gln Phe Gly Trp Leu Thr His Glu Phe Cys His Gln Gln Pro Thr
165 170 175

Lys Asn Arg Pro Leu Asn Asp Thr Ile Ser Leu Phe Phe Gly Asn Phe
180 185 190

Leu Gln Gly Phe Ser Arg Asp Trp Trp Lys Asp Lys His Asn Thr His
195 200 205

His Ala Ala Thr Asn Val Ile Asp His Asp Gly Asp Ile Asp Leu Ala
210 215 220

Pro Leu Phe Ala Phe Ile Pro Gly Asp Leu Cys Lys Tyr Lys Ala Ser
225 230 235 240

Phe Glu Lys Ala Ile Leu Lys Ile Val Pro Tyr Gln His Leu Tyr Phe
245 250 255

Thr Ala Met Leu Pro Met Leu Arg Phe Ser Trp Thr Gly Gln Ser Val
260 265 270

Gln Trp Val Phe Lys Glu Asn Gln Met Glu Tyr Lys Val Tyr Gln Arg
275 280 285

Asn Ala Phe Trp Glu Gln Ala Thr Ile Val Gly His Trp Ala Trp Val
290 295 300

Phe Tyr Gln Leu Phe Leu Leu Pro Thr Trp Pro Leu Arg Val Ala Tyr
305 310 315 320

Phe Ile Ile Ser Gln Met Gly Gly Gly Leu Leu Ile Ala His Val Val
325 330 335

Thr Phe Asn His Asn Ser Val Asp Lys Tyr Pro Ala Asn Ser Arg Ile
340 345 350

Leu Asn Asn Phe Ala Ala Leu Gln Ile Leu Thr Thr Arg Asn Met Thr
355 360 365

Pro Ser Pro Phe Ile Asp Trp Leu Trp Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Ile
370 375 380

Glu His His Leu Phe Pro Thr Met Pro Arg Cys Asn Leu Asn Ala Cys
385 390 395 400

Val Lys Tyr Val Lys Glu Trp Cys Lys Glu Asn Asn Leu Pro Tyr Leu
405 410 415

Val Asp Asp Tyr Phe Asp Gly Tyr Ala Met Asn Leu Gln Gln Leu Lys
420 425 430

Asn Met Ala Glu His Ile Gln Ala Lys Ala Ala
435 440

<210> 27
<211> 873
<212> DNA
<213> Physcomitrella patens

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(873)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 27
atg gag gtc gtg gag aga ttc tac ggt gag ttg gat ggg aag gtc tcg 48
Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
1 5 10 15
cag ggc gtg aat gca ttg ctg ggt agt ttt ggg gtg gag ttg acg gat 96
Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
20 25 30
acg ccc act acc aaa ggc ttg ccc ctc gtt gac agt ccc aca ccc atc 144
Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
35 40 45
gtc ctc ggt gtt tct gta tac ttg act att gtc att gga ggg ctt ttg 192
Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
50 55 60

tgg ata aag gcc agg gat ctg aaa ccg cgc gcc tgg gag cca ttt ttg	240
Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu	
65 70 75 80	
ctc caa gct ttg gtg ctt gtg cac aac ctg ttc tgt ttt gcg ctc agt	288
Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser	
85 90 95	
ctg tat atg tgc gtg ggc atc gct tat cag gct att acc tgg cgg tac	336
Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr	
100 105 110	
tct ctc tgg ggc aat gca tac aat cct aaa cat aaa gag atg gcg att	384
Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile	
115 120 125	
ctg gta tac ttg ttc tac atg tct aag tac gtg gaa ttc atg gat acc	432
Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr	
130 135 140	
gtt atc atg ata ctg aag cgc agc acc agg caa ata agc ttc ctc cac	480
Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His	
145 150 155 160	
gtt tat cat cat tct tca att tcc ctc att tgg tgg gct att gct cat	528
Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His	
165 170 175	
cac gct cct ggc ggt gaa gca tat tgg tct gcg gct ctg aac tca gga	576
His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly	
180 185 190	
gtg cat gtt ctc atg tat gcg tat tac ttc ttg gct gcc tgc ctt cga	624
Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg	
195 200 205	
agt agc cca aag tta aaa aat aag tac ctt ttt tgg ggc agg tac ttg	672
Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu	
210 215 220	
aca caa ttc caa atg ttc cag ttt atg ctg aac tta gtg cag gct tac	720
Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr	
225 230 235 240	
tac gac atg aaa acg aat gcg cca tat cca caa tgg ctg atc aag att	768
Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile	
245 250 255	
ttg ttc tac tac atg atc tcg ttg ctg ttt ctt ttc ggc aat ttt tac	816
Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr	
260 265 270	
gta caa aaa tac atc aaa ccc tct gac gga aag caa aag gga gct aaa	864
Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys	
275 280 285	
act gag tga	873
Thr Glu	
290	

```
<210> 28
<211> 290
<212> PRT
<213> Physcomitrella patens

<400> 28
```

Met Glu Val Val Glu Arg Phe Tyr Gly Glu Leu Asp Gly Lys Val Ser
 1 5 10 15
 Gln Gly Val Asn Ala Leu Leu Gly Ser Phe Gly Val Glu Leu Thr Asp
 20 25 30
 Thr Pro Thr Thr Lys Gly Leu Pro Leu Val Asp Ser Pro Thr Pro Ile
 35 40 45
 Val Leu Gly Val Ser Val Tyr Leu Thr Ile Val Ile Gly Gly Leu Leu
 50 55 60
 Trp Ile Lys Ala Arg Asp Leu Lys Pro Arg Ala Ser Glu Pro Phe Leu
 65 70 75 80
 Leu Gln Ala Leu Val Leu Val His Asn Leu Phe Cys Phe Ala Leu Ser
 85 90 95
 Leu Tyr Met Cys Val Gly Ile Ala Tyr Gln Ala Ile Thr Trp Arg Tyr
 100 105 110
 Ser Leu Trp Gly Asn Ala Tyr Asn Pro Lys His Lys Glu Met Ala Ile
 115 120 125
 Leu Val Tyr Leu Phe Tyr Met Ser Lys Tyr Val Glu Phe Met Asp Thr
 130 135 140
 Val Ile Met Ile Leu Lys Arg Ser Thr Arg Gln Ile Ser Phe Leu His
 145 150 155 160
 Val Tyr His His Ser Ser Ile Ser Leu Ile Trp Trp Ala Ile Ala His
 165 170 175
 His Ala Pro Gly Gly Glu Ala Tyr Trp Ser Ala Ala Leu Asn Ser Gly
 180 185 190
 Val His Val Leu Met Tyr Ala Tyr Tyr Phe Leu Ala Ala Cys Leu Arg
 195 200 205
 Ser Ser Pro Lys Leu Lys Asn Lys Tyr Leu Phe Trp Gly Arg Tyr Leu
 210 215 220
 Thr Gln Phe Gln Met Phe Gln Phe Met Leu Asn Leu Val Gln Ala Tyr
 225 230 235 240
 Tyr Asp Met Lys Thr Asn Ala Pro Tyr Pro Gln Trp Leu Ile Lys Ile
 245 250 255
 Leu Phe Tyr Tyr Met Ile Ser Leu Leu Phe Leu Phe Gly Asn Phe Tyr
 260 265 270

Val Gln Lys Tyr Ile Lys Pro Ser Asp Gly Lys Gln Lys Gly Ala Lys
 275 280 285

Thr Glu
 290

<210> 29
 <211> 1049
 <212> DNA
 <213> Thraustochytrium

<220>
 <221> CDS
 <222> (43)..(858)
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 29
 gaattcggca cgagagcgcg cggagcggag acctcggccg cg atg atg gag ccg 54
 Met Met Glu Pro
 1

ctc gac agg tac agg gcg ctg gcg gag ctc gcc gcg agg tac gcc agc 102
 Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala Arg Tyr Ala Ser
 5 10 15 20

tgc gcg gcc ttc aag tgg caa gtc acg tac gac gcc aag gac agc ttc 150
 Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala Lys Asp Ser Phe
 25 30 35

gtc ggg ccc ctg gga atc cgg gag ccg ctc ggg ctc ctg gtg ggc tcc 198
 Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu Leu Val Gly Ser
 40 45 50

gtg gtc ctc tac ctg agc ctg ctg gcc gtg gtc tac gcg ctg cgg aac 246
 Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr Ala Leu Arg Asn
 55 60 65

tac ctt ggc ggc ctc atg gcg ctc cgc agc gtg cat aac ctc ggg ctc 294
 Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His Asn Leu Gly Leu
 70 75 80

tgc ctc ttc tgc ggc gcc gtg tgg atc tac acg agc tac ctc atg atc 342
 Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser Tyr Leu Met Ile
 85 90 95 100

cag gat ggg cac ttt cgc agc ctc gag gcg gca acg tgc gag ccg ctc 390
 Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr Cys Glu Pro Leu
 105 110 115

aag cat ccg cac ttc cag ctc atc agc ttg ctc ttt gcg ctg tcc aag 438
 Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe Ala Leu Ser Lys
 120 125 130

atc tgg gag tgg ttc gac acg gtg ctc ctc atc gtc aag ggc aac aag 486
 Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val Lys Gly Asn Lys
 135 140 145

ctc cgc ttc ctg cac gtc ttg cac cac gcc acg acc ttt tgg ctc tac 534
 Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr Phe Trp Leu Tyr
 150 155 160

gcc atc gac cac atc ttt ctc tgc tcc atc aag tac ggc gtc gcg gtc 582
 Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr Gly Val Ala Val
 165 170 175 180

52

aat gct ttc atc cac acc gtc atg tac gcg cac tac ttc cgc cca ttc 630
 Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr Phe Arg Pro Phe
 185 190 195

ccg aag ggc ttg cgc ccg ctt att acg cag ttg cag atc gtc cag ttc 678
 Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln Ile Val Gln Phe
 200 205 210

att ttc agc atc ggc atc cat acc gcc att tac tgg cac tac gac tgc 726
 Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp His Tyr Asp Cys
 215 220 225

gag ccg ctc gtg cat acc cac ttt tgg gaa tac gtc acg ccc tac ctt 774
 Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val Thr Pro Tyr Leu
 230 235 240

ttc gtc gtg ccc ttc ctc atc ctc ttt ttc aat ttt tac ctg cag cag 822
 Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe Tyr Leu Gln Gln
 245 250 255 260

tac gtc ctc gcg ccc gca aaa acc aag aag gca tag ccacgtaaca 868
 Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
 265 270

gtagaccagc agcgccgagg acgcgtgccg cgttatcgcg aagcacgaaa taaagaagat 928
 catttgattc aacgaggcta cttgcggccg cgagaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 988
 aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1048
 c 1049

<210> 30
 <211> 271
 <212> PRT
 <213> Thraustochytrium

<400> 30

Met Met Glu Pro Leu Asp Arg Tyr Arg Ala Leu Ala Glu Leu Ala Ala
 1 5 10 15

Arg Tyr Ala Ser Ser Ala Ala Phe Lys Trp Gln Val Thr Tyr Asp Ala
 20 25 30

Lys Asp Ser Phe Val Gly Pro Leu Gly Ile Arg Glu Pro Leu Gly Leu
 35 40 45

Leu Val Gly Ser Val Val Leu Tyr Leu Ser Leu Leu Ala Val Val Tyr
 50 55 60

Ala Leu Arg Asn Tyr Leu Gly Gly Leu Met Ala Leu Arg Ser Val His
 65 70 75 80

Asn Leu Gly Leu Cys Leu Phe Ser Gly Ala Val Trp Ile Tyr Thr Ser
 85 90 95

Tyr Leu Met Ile Gln Asp Gly His Phe Arg Ser Leu Glu Ala Ala Thr
 100 105 110

Cys Glu Pro Leu Lys His Pro His Phe Gln Leu Ile Ser Leu Leu Phe
 115 120 125

Ala Leu Ser Lys Ile Trp Glu Trp Phe Asp Thr Val Leu Leu Ile Val
 130 135 140

Lys Gly Asn Lys Leu Arg Phe Leu His Val Leu His His Ala Thr Thr
 145 150 155 160

Phe Trp Leu Tyr Ala Ile Asp His Ile Phe Leu Ser Ser Ile Lys Tyr
 165 170 175

Gly Val Ala Val Asn Ala Phe Ile His Thr Val Met Tyr Ala His Tyr
 180 185 190

Phe Arg Pro Phe Pro Lys Gly Leu Arg Pro Leu Ile Thr Gln Leu Gln
 195 200 205

Ile Val Gln Phe Ile Phe Ser Ile Gly Ile His Thr Ala Ile Tyr Trp
 210 215 220

His Tyr Asp Cys Glu Pro Leu Val His Thr His Phe Trp Glu Tyr Val
 225 230 235 240

Thr Pro Tyr Leu Phe Val Val Pro Phe Leu Ile Leu Phe Phe Asn Phe
 245 250 255

Tyr Leu Gln Gln Tyr Val Leu Ala Pro Ala Lys Thr Lys Lys Ala
 260 265 270

<210> 31
 <211> 837
 <212> DNA
 <213> *Phytophthora infestans*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(837)
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 31
 atg tcg act gag cta ctg cag agc tac tac gcg tgg gcc aac gcc acg 48
 Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
 1 5 10 15
 gag gcc aag ctg ctg gac tgg gtc gac cct gag ggc ggc tgg aag gtg 96
 Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
 20 25 30
 cat cct atg gca gac tac ccc cta gcc aac ttc tcc agc gtc tac gcc 144
 His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
 35 40 45
 atc tgc gtc gga tac ttg ctc ttc gta atc ttc ggc acg gcc ctg atg 192
 Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
 50 55 60

54

aaa atg gga gtc ccc gcc atc aag acc agt cca tta cag ttt gtg tac 240
 Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
 65 70 75 80

 aac ccc atc caa gtc att gcc tgc tct tat atg tgc gtg gag gcc gcc 288
 Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
 85 90 95

 atc cag gcc tac cgc aac ggc tac acc gcc gcc ccg tgc aac gcc ttt 336
 Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
 100 105 110

 aag tcc gac gac ccc gtc atg ggc aac gtt ctg tac ctc ttc tat ctc 384
 Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
 115 120 125

 tcc aag atg ctc gac ctg tgc gac aca gtc ttc att atc cta gga aag 432
 Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
 130 135 140

 aag tgg aaa cag ctt tcc atc ttg cac gtg tac cac cac ctt acc gtg 480
 Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
 145 150 155 160

 ctt ttc gtc tac tat gtg acg ttc cgc gcc gct cag gac ggg gac tca 528
 Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
 165 170 175

 tat gct acc atc gtg ctc aac ggc ttc gtg cac acc atc atg tac act 576
 Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
 180 185 190

 tac tac ttc gtc agc gcc cac acg cgc aac att tgg tgg aag aag tac 624
 Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
 195 200 205

 ctc acg cgc att cag ctt atc cag ttc gtg acc atg aac gtg cag ggc 672
 Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
 210 215 220

 tac ctg acc tac tct cga cag tgc cca ggc atg cct cct aag gtg ccg 720
 Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
 225 230 235 240

 ctc atg tac ctt gtg tac gtg cag tca ctc ttc tgg ctc ttc atg aat 768
 Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
 245 250 255

 ttc tac att cgc gcg tac gtg ttc ggc ccc aag aaa ccg gcc gtg gag 816
 Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
 260 265 270

 gaa tcg aag aag aag ttg taa 837
 Glu Ser Lys Lys Lys Leu
 275

<210> 32
 <211> 278
 <212> PRT
 <213> *Phytophthora infestans*

<400> 32

Met Ser Thr Glu Leu Leu Gln Ser Tyr Tyr Ala Trp Ala Asn Ala Thr
 1 5 10 15

55

Glu Ala Lys Leu Leu Asp Trp Val Asp Pro Glu Gly Gly Trp Lys Val
 20 25 30

His Pro Met Ala Asp Tyr Pro Leu Ala Asn Phe Ser Ser Val Tyr Ala
 35 40 45

Ile Cys Val Gly Tyr Leu Leu Phe Val Ile Phe Gly Thr Ala Leu Met
 50 55 60

Lys Met Gly Val Pro Ala Ile Lys Thr Ser Pro Leu Gln Phe Val Tyr
 65 70 75 80

Asn Pro Ile Gln Val Ile Ala Cys Ser Tyr Met Cys Val Glu Ala Ala
 85 90 95

Ile Gln Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Ala Ala Pro Cys Asn Ala Phe
 100 105 110

Lys Ser Asp Asp Pro Val Met Gly Asn Val Leu Tyr Leu Phe Tyr Leu
 115 120 125

Ser Lys Met Leu Asp Leu Cys Asp Thr Val Phe Ile Ile Leu Gly Lys
 130 135 140

Lys Trp Lys Gln Leu Ser Ile Leu His Val Tyr His His Leu Thr Val
 145 150 155 160

Leu Phe Val Tyr Tyr Val Thr Phe Arg Ala Ala Gln Asp Gly Asp Ser
 165 170 175

Tyr Ala Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Val His Thr Ile Met Tyr Thr
 180 185 190

Tyr Tyr Phe Val Ser Ala His Thr Arg Asn Ile Trp Trp Lys Lys Tyr
 195 200 205

Leu Thr Arg Ile Gln Leu Ile Gln Phe Val Thr Met Asn Val Gln Gly
 210 215 220

Tyr Leu Thr Tyr Ser Arg Gln Cys Pro Gly Met Pro Pro Lys Val Pro
 225 230 235 240

Leu Met Tyr Leu Val Tyr Val Gln Ser Leu Phe Trp Leu Phe Met Asn
 245 250 255

Phe Tyr Ile Arg Ala Tyr Val Phe Gly Pro Lys Lys Pro Ala Val Glu
 260 265 270

Glu Ser Lys Lys Lys Leu
 275

<210> 33
 <211> 954
 <212> DNA
 <213> Mortierella alpina

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(954)
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 33
 atg gcc gcc gca atc ttg gac aag gtc aac ttc ggc att gat cag ccc 48
 Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Phe Gly Ile Asp Gln Pro
 1 5 10 15

ttc gga atc aag ctc gac acc tac ttt gct cag gcc tat gaa ctc gtc 96
 Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
 20 25 30

acc gga aag tcc atc gac tcc ttc gtc ttc cag gag ggc gtc acg cct 144
 Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
 35 40 45

ctc tcg acc cag aga gag gtc gcc atg tgg act atc act tac ttc gtc 192
 Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
 50 55 60

gtc atc ttt ggt ggt cgc cag atc atg aag agc cag gac gcc ttc aag 240
 Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
 65 70 75 80

ctc aag ccc ctc ttc atc ctc cac aac ttc ctc ctg acg atc gcg tcc 288
 Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
 85 90 95

gga tcg ctg ttg ctc ctg ttc atc gag aac ctg gtc ccc atc ctc gcc 336
 Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
 100 105 110

aga aac gga ctt ttc tac gcc atc tgc gac gac ggt gcc tgg acc cag 384
 Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
 115 120 125

cgc ctc gag ctc ctc tac tac ctc aac tac ctg gtc aag tac tgg gag 432
 Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
 130 135 140

ttg gcc gac acc gtc ttt ttg gtc ctc aag aag aag cct ctt gag ttc 480
 Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
 145 150 155 160

ctg cac tac ttc cac cac tcg atg acc atg gtt ctc tgc ttt gtc cag 528
 Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
 165 170 175

ctt gga gga tac act tca gtg tcc tgg gtc cct att acc ctc aac ttg 576
 Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
 180 185 190

act gtc cac gtc ttc atg tac tac tac tac atg cgc tcc gct gcc ggt 624
 Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
 195 200 205

gtt cgc atc tgg tgg aag cag tac ttg acc act ctc cag atc gtc cag 672
 Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
 210 215 220

57

```

ttc gtt ctt gac ctc gga ttc atc tac ttc tgc gcc tac acc tac ttc      720
Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225                230                235                240

gcc ttc acc tac ttc ccc tgg gct ccc aac gtc ggc aag tgc gcc ggt      768
Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
                245                250                255

acc gag ggt gct gct ctc ttt ggc tgc gga ctc ctc tcc agc tat ctc      816
Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
                260                265                270

ttg ctc ttt atc aac ttc tac cgc att acc tac aat gcc aag gcc aag      864
Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
                275                280                285

gca gcc aag gag cgt gga agc aac ttt acc ccc aag act gtc aag tcc      912
Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
                290                295                300

ggc gga tgc ccc aag aag ccc tcc aag agc aag cac atc taa      954
Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305                310                315

```

<210> 34
 <211> 317
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina

<400> 34

```

Met Ala Ala Ala Ile Leu Asp Lys Val Asn Phe Gly Ile Asp Gln Pro
1                5                10                15

```

```

Phe Gly Ile Lys Leu Asp Thr Tyr Phe Ala Gln Ala Tyr Glu Leu Val
                20                25                30

```

```

Thr Gly Lys Ser Ile Asp Ser Phe Val Phe Gln Glu Gly Val Thr Pro
                35                40                45

```

```

Leu Ser Thr Gln Arg Glu Val Ala Met Trp Thr Ile Thr Tyr Phe Val
                50                55                60

```

```

Val Ile Phe Gly Gly Arg Gln Ile Met Lys Ser Gln Asp Ala Phe Lys
65                70                75                80

```

```

Leu Lys Pro Leu Phe Ile Leu His Asn Phe Leu Leu Thr Ile Ala Ser
                85                90                95

```

```

Gly Ser Leu Leu Leu Leu Phe Ile Glu Asn Leu Val Pro Ile Leu Ala
                100                105                110

```

```

Arg Asn Gly Leu Phe Tyr Ala Ile Cys Asp Asp Gly Ala Trp Thr Gln
                115                120                125

```

```

Arg Leu Glu Leu Leu Tyr Tyr Leu Asn Tyr Leu Val Lys Tyr Trp Glu
130                135                140

```

Leu Ala Asp Thr Val Phe Leu Val Leu Lys Lys Lys Pro Leu Glu Phe
145 150 155 160

Leu His Tyr Phe His His Ser Met Thr Met Val Leu Cys Phe Val Gln
165 170 175

Leu Gly Gly Tyr Thr Ser Val Ser Trp Val Pro Ile Thr Leu Asn Leu
180 185 190

Thr Val His Val Phe Met Tyr Tyr Tyr Tyr Met Arg Ser Ala Ala Gly
195 200 205

Val Arg Ile Trp Trp Lys Gln Tyr Leu Thr Thr Leu Gln Ile Val Gln
210 215 220

Phe Val Leu Asp Leu Gly Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Tyr Thr Tyr Phe
225 230 235 240

Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Trp Ala Pro Asn Val Gly Lys Cys Ala Gly
245 250 255

Thr Glu Gly Ala Ala Leu Phe Gly Cys Gly Leu Leu Ser Ser Tyr Leu
260 265 270

Leu Leu Phe Ile Asn Phe Tyr Arg Ile Thr Tyr Asn Ala Lys Ala Lys
275 280 285

Ala Ala Lys Glu Arg Gly Ser Asn Phe Thr Pro Lys Thr Val Lys Ser
290 295 300

Gly Gly Ser Pro Lys Lys Pro Ser Lys Ser Lys His Ile
305 310 315

<210> 35
<211> 957
<212> DNA
<213> Mortierella alpina

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(957)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 35
atg gag tcg att gcg cca ttc ctc cca tca aag atg ccg caa gat ctg 48
Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
1 5 10 15
ttt atg gac ctt gcc acc gct atc ggt gtc cgg gcc gcg ccc tat gtc 96
Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
20 25 30
gat cct ctc gag gcc gcg ctg gtg gcc cag gcc gag aag tac atc ccc 144
Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
35 40 45

acg att gtc cat cac acg cgt ggg ttc ctg gtc gcg gtg gag tcg cct Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro 50 55 60	192
ttg gcc cgt gag ctg ccg ttg atg aac ccg ttc cac gtg ctg ttg atc Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile 65 70 75 80	240
gtg ctc gct tat ttg gtc acg gtc ttt gtg ggc atg cag atc atg aag Val Leu Ala Tyr 85 Val Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys 90 95	288
aac ttt gag cgg ttc gag gtc aag acg ttt tcg ctc ctg cac aac ttt Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe 100 105 110	336
tgt ctg gtc tcg atc agc gcc tac atg tgc ggt ggg atc ctg tac gag Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu 115 120 125	384
gct tat cag gcc aac tat gga ctg ttt gag aac gct gct gat cat acc Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr 130 135 140	432
ttc aag ggt ctt cct atg gcc aag atg atc tgg ctc ttc tac ttc tcc Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser 145 150 155 160	480
aag atc atg gag ttt gtc gac acc atg atc atg gtc ctc aag aag aac Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn 165 170 175	528
aac cgc cag atc tcc ttc ttg cac gtt tac cac cac agc tcc atc ttc Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe 180 185 190	576
acc atc tgg tgg ttg gtc acc ttt gtt gca ccc aac ggt gaa gcc tac Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr 195 200 205	624
ttc tct gct gcg ttg aac tcg ttc atc cat gtg atc atg tac ggc tac Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr 210 215 220	672
tac ttc ttg tcg gcc ttg ggc ttc aag cag gtg tcg ttc atc aag ttc Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe 225 230 235 240	720
tac atc acg cgc tcg cag atg aca cag ttc tgc atg atg tcg gtc cag Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln 245 250 255	768
tct tcc tgg gac atg tac gcc atg aag gtc ctt ggc cgc ccc gga tac Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr 260 265 270	816
ccc ttc ttc atc acg gct ctg ctt tgg ttc tac atg tgg acc atg ctc Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu 275 280 285	864
ggt ctc ttc tac aac ttt tac aga aag aac gcc aag ttg gcc aag cag Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln 290 295 300	912
gcc aag gcc gac gct gcc aag gag aag gca agg aag ttg cag taa Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln 305 310 315	957

<210> 36
 <211> 318
 <212> PRT
 <213> Mortierella alpina

<400> 36

Met Glu Ser Ile Ala Pro Phe Leu Pro Ser Lys Met Pro Gln Asp Leu
 1 5 10 15

Phe Met Asp Leu Ala Thr Ala Ile Gly Val Arg Ala Ala Pro Tyr Val
 20 25 30

Asp Pro Leu Glu Ala Ala Leu Val Ala Gln Ala Glu Lys Tyr Ile Pro
 35 40 45

Thr Ile Val His His Thr Arg Gly Phe Leu Val Ala Val Glu Ser Pro
 50 55 60

Leu Ala Arg Glu Leu Pro Leu Met Asn Pro Phe His Val Leu Leu Ile
 65 70 75 80

Val Leu Ala Tyr Leu Val Thr Val Phe Val Gly Met Gln Ile Met Lys
 85 90 95

Asn Phe Glu Arg Phe Glu Val Lys Thr Phe Ser Leu Leu His Asn Phe
 100 105 110

Cys Leu Val Ser Ile Ser Ala Tyr Met Cys Gly Gly Ile Leu Tyr Glu
 115 120 125

Ala Tyr Gln Ala Asn Tyr Gly Leu Phe Glu Asn Ala Ala Asp His Thr
 130 135 140

Phe Lys Gly Leu Pro Met Ala Lys Met Ile Trp Leu Phe Tyr Phe Ser
 145 150 155 160

Lys Ile Met Glu Phe Val Asp Thr Met Ile Met Val Leu Lys Lys Asn
 165 170 175

Asn Arg Gln Ile Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ser Ile Phe
 180 185 190

Thr Ile Trp Trp Leu Val Thr Phe Val Ala Pro Asn Gly Glu Ala Tyr
 195 200 205

Phe Ser Ala Ala Leu Asn Ser Phe Ile His Val Ile Met Tyr Gly Tyr
 210 215 220

Tyr Phe Leu Ser Ala Leu Gly Phe Lys Gln Val Ser Phe Ile Lys Phe
 225 230 235 240

Tyr Ile Thr Arg Ser Gln Met Thr Gln Phe Cys Met Met Ser Val Gln
245 250 255

Ser Ser Trp Asp Met Tyr Ala Met Lys Val Leu Gly Arg Pro Gly Tyr
260 265 270

Pro Phe Phe Ile Thr Ala Leu Leu Trp Phe Tyr Met Trp Thr Met Leu
275 280 285

Gly Leu Phe Tyr Asn Phe Tyr Arg Lys Asn Ala Lys Leu Ala Lys Gln
290 295 300

Ala Lys Ala Asp Ala Ala Lys Glu Lys Ala Arg Lys Leu Gln
305 310 315

<210> 37
<211> 867
<212> DNA
<213> Caenorhabditis elegans

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(867)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 37
atg gct cag cat ccg ctc gtt caa cgg ctt ctc gat gtc aaa ttc gac 48
Met Ala Gln His Pro Leu Val Gln Arg Leu Leu Asp Val Lys Phe Asp
1 5 10 15
acg aaa cga ttt gtg gct att gct act cat ggg cca aag aat ttc cct 96
Thr Lys Arg Phe Val Ala Ile Ala Thr His Gly Pro Lys Asn Phe Pro
20 25 30
gac gca gaa ggt cgc aag ttc ttt gct gat cac ttt gat gtt act att 144
Asp Ala Glu Gly Arg Lys Phe Phe Ala Asp His Phe Asp Val Thr Ile
35 40 45
cag gct tca atc ctg tac atg gtc gtt gtg ttc gga aca aaa tgg ttc 192
Gln Ala Ser Ile Leu Tyr Met Val Val Val Phe Gly Thr Lys Trp Phe
50 55 60
atg cgt aat cgt caa cca ttc caa ttg act att cca ctc aac atc tgg 240
Met Arg Asn Arg Gln Pro Phe Gln Leu Thr Ile Pro Leu Asn Ile Trp
65 70 75 80
aat ttc atc ctc gcc gca ttt tcc atc gca gga gct gtc aaa atg acc 288
Asn Phe Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Ala Gly Ala Val Lys Met Thr
85 90 95
cca gag ttc ttt gga acc att gcc aac aaa gga att gtc gca tcc tac 336
Pro Glu Phe Phe Gly Thr Ile Ala Asn Lys Gly Ile Val Ala Ser Tyr
100 105 110
tgc aaa gtg ttt gat ttc acg aaa gga gag aat gga tac tgg gtg tgg 384
Cys Lys Val Phe Asp Phe Thr Lys Gly Glu Asn Gly Tyr Trp Val Trp
115 120 125
ctc ttc atg gct tcc aaa ctt ttc gaa ctt gtt gac acc atc ttc ttg 432
Leu Phe Met Ala Ser Lys Leu Phe Glu Leu Val Asp Thr Ile Phe Leu
130 135 140

gtt ctc cgt aaa cgt cca ctc atg ttc ctt cac tgg tat cac cat att 480
Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
145 150 155 160

ctc acc atg atc tac gcc tgg tac tct cat cca ttg acc cca gga ttc 528
Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
165 170 175

aac aga tac gga att tat ctt aac ttt gtc gtc cac gcc ttc atg tac 576
Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
180 185 190

tct tac tac ttc ctt cgc tgc atg aag att cgc gtg cca gga ttc atc 624
Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
195 200 205

gcc caa gct atc aca tct ctt caa atc gtt caa ttc atc atc tct tgc 672
Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
210 215 220

gcc gtt ctt gct cat ctt ggt tat ctc atg cac ttc acc aat gcc aac 720
Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
225 230 235 240

tgt gat ttc gag cca tca gta ttc aag ctc gca gtt ttc atg gac aca 768
Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
245 250 255

aca tac ttg gct ctt ttc gtc aac ttc ttc ctc caa tca tat gtt ctc 816
Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
260 265 270

cgc gga gga aaa gac aag tac aag gca gtg cca aag aag aag aac aac 864
Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
275 280 285

taa 867

<210> 38
<211> 288
<212> PRT
<213> Caenorhabditis elegans

<400> 38

Met Ala Gln His Pro Leu Val Gln Arg Leu Leu Asp Val Lys Phe Asp
1 5 10 15

Thr Lys Arg Phe Val Ala Ile Ala Thr His Gly Pro Lys Asn Phe Pro
20 25 30

Asp Ala Glu Gly Arg Lys Phe Phe Ala Asp His Phe Asp Val Thr Ile
35 40 45

Gln Ala Ser Ile Leu Tyr Met Val Val Val Phe Gly Thr Lys Trp Phe
50 55 60

Met Arg Asn Arg Gln Pro Phe Gln Leu Thr Ile Pro Leu Asn Ile Trp
65 70 75 80

Asn Phe Ile Leu Ala Ala Phe Ser Ile Ala Gly Ala Val Lys Met Thr
85 90 95

Pro Glu Phe Phe Gly Thr Ile Ala Asn Lys Gly Ile Val Ala Ser Tyr
 100 105 110

Cys Lys Val Phe Asp Phe Thr Lys Gly Glu Asn Gly Tyr Trp Val Trp
 115 120 125

Leu Phe Met Ala Ser Lys Leu Phe Glu Leu Val Asp Thr Ile Phe Leu
 130 135 140

Val Leu Arg Lys Arg Pro Leu Met Phe Leu His Trp Tyr His His Ile
 145 150 155 160

Leu Thr Met Ile Tyr Ala Trp Tyr Ser His Pro Leu Thr Pro Gly Phe
 165 170 175

Asn Arg Tyr Gly Ile Tyr Leu Asn Phe Val Val His Ala Phe Met Tyr
 180 185 190

Ser Tyr Tyr Phe Leu Arg Ser Met Lys Ile Arg Val Pro Gly Phe Ile
 195 200 205

Ala Gln Ala Ile Thr Ser Leu Gln Ile Val Gln Phe Ile Ile Ser Cys
 210 215 220

Ala Val Leu Ala His Leu Gly Tyr Leu Met His Phe Thr Asn Ala Asn
 225 230 235 240

Cys Asp Phe Glu Pro Ser Val Phe Lys Leu Ala Val Phe Met Asp Thr
 245 250 255

Thr Tyr Leu Ala Leu Phe Val Asn Phe Phe Leu Gln Ser Tyr Val Leu
 260 265 270

Arg Gly Gly Lys Asp Lys Tyr Lys Ala Val Pro Lys Lys Lys Asn Asn
 275 280 285

<210> 39
 <211> 1626
 <212> DNA
 <213> *Euglena gracilis*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1626)
 <223> Delta-4-Desaturase

<400> 39
 atg ttg gtg ctg ttt ggc aat ttc tat gtc aag caa tac tcc caa aag
 Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
 1 5 10 15

48

aac ggc aag ccg gag aac gga gcc acc cct gag aac gga gcg aag ccg
 Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro

96

20	25	30	
caa cct tgc gag aac ggc acg gtg gaa aag cga gag aat gac acc gcc Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala 35 40 45			144
aac gtt cgg ccc acc cgt cca gct gga ccc ccg ccg gcc acg tac tac Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr 50 55 60			192
gac tcc ctg gca gtg tgc ggg cag ggc aag gag cgg ctg ttc acc acc Asp Ser Leu Ala Val Ser Gly Gln Gly Lys Glu Arg Leu Phe Thr Thr 65 70 75 80			240
gat gag gtg agg cgg cac atc ctc ccc acc gat ggc tgg ctg acg tgc Asp Glu Val Arg Arg His Ile Leu Pro Thr Asp Gly Trp Leu Thr Cys 85 90 95			288
cac gaa gga gtc tac gat gtc act gat ttc ctt gcc aag cac cct ggt His Glu Gly Val Tyr Asp Val Thr Asp Phe Leu Ala Lys His Pro Gly 100 105 110			336
ggc ggt gtc atc acg ctg ggc ctt gga agg gac tgc aca atc ctc atc Gly Gly Val Ile Thr Leu Gly Leu Gly Arg Asp Cys Thr Ile Leu Ile 115 120 125			384
gag tca tac cac cct gct ggg cgc ccg gac aag gtg atg gag aag tac Glu Ser Tyr His Pro Ala Gly Arg Pro Asp Lys Val Met Glu Lys Tyr 130 135 140			432
cgc att ggt acg ctg cag gac ccc aag acg ttc tat gct tgg gga gag Arg Ile Gly Thr Leu Gln Asp Pro Lys Thr Phe Tyr Ala Trp Gly Glu 145 150 155 160			480
tcc gat ttc tac cct gag ttg aag cgc cgg gcc ctt gca agg ctg aag Ser Asp Phe Tyr Pro Glu Leu Lys Arg Arg Ala Leu Ala Arg Leu Lys 165 170 175			528
gag gct ggt cag gcg cgg cgc ggc ggc ctt ggg gtg aag gcc ctc ctg Glu Ala Gly Gln Ala Arg Arg Gly Leu Gly Val Lys Ala Leu Leu 180 185 190			576
gtg ctc acc ctc ttc ttc gtg tgc tgg tac atg tgg gtg gcc cac aag Val Leu Thr Leu Phe Phe Val Ser Trp Tyr Met Trp Val Ala His Lys 195 200 205			624
tcc ttc ctc tgg gcc gcc gtc tgg ggc ttc gcc ggc tcc cac gtc ggg Ser Phe Leu Trp Ala Ala Val Trp Gly Phe Ala Gly Ser His Val Gly 210 215 220			672
ctg agc atc cag cac gat ggc aac cac ggc gcg ttc agc cgc aac aca Leu Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ser Arg Asn Thr 225 230 235 240			720
ctg gtg aac cgc ctg gcg ggg tgg ggc atg gac ttg atc ggc gcg tgc Leu Val Asn Arg Leu Ala Gly Trp Gly Met Asp Leu Ile Gly Ala Ser 245 250 255			768
tcc acg gtg tgg gag tac cag cac gtc atc ggc cac cac cag tac acc Ser Thr Val Trp Glu Tyr Gln His Val Ile Gly His His Gln Tyr Thr 260 265 270			816
aac ctc gtg tgc gac acg cta ttc agt ctg cct gag aac gat ccg gac Asn Leu Val Ser Asp Thr Leu Phe Ser Leu Pro Glu Asn Asp Pro Asp 275 280 285			864
gtc ttc tcc agc tac ccg ctg atg cgc atg cac ccg gat acg gcg tgg Val Phe Ser Ser Tyr Pro Leu Met Arg Met His Pro Asp Thr Ala Trp			912

290	295	300	
cag ccg cac cac cgc ttc cag cac ctg ttc gcg ttc cca ctg ttc gcc			960
Gln Pro His His Arg Phe Gln His Leu Phe Ala Phe Pro Leu Phe Ala			
305	310	315	320
ctg atg aca atc agc aag gtg ctg acc agc gat ttc gct gtc tgc ctc			1008
Leu Met Thr Ile Ser Lys Val Leu Thr Ser Asp Phe Ala Val Cys Leu			
	325	330	335
agc atg aag aag ggg tcc atc gac tgc tcc tcc agg ctc gtc cca ctg			1056
Ser Met Lys Lys Gly Ser Ile Asp Cys Ser Ser Arg Leu Val Pro Leu			
	340	345	350
gag ggg cag ctg ctg ttc tgg ggg gcc aag ctg gcg aac ttc ctg ttg			1104
Glu Gly Gln Leu Leu Phe Trp Gly Ala Lys Leu Ala Asn Phe Leu Leu			
	355	360	365
cag att gtg ttg cca tgc tac ctc cac ggg aca gct atg ggc ctg gcc			1152
Gln Ile Val Leu Pro Cys Tyr Leu His Gly Thr Ala Met Gly Leu Ala			
	370	375	380
ctc ttc tct gtt gct cac ctt gtg tgc ggg gag tac ctc gcg atc tgc			1200
Leu Phe Ser Val Ala His Leu Val Ser Gly Glu Tyr Leu Ala Ile Cys			
	385	390	400
ttc atc atc aac cac atc agc gag tct tgt gag ttt atg aat aca agc			1248
Phe Ile Ile Asn His Ile Ser Glu Ser Cys Glu Phe Met Asn Thr Ser			
	405	410	415
ttt caa acc gcc gcc cgg agg aca gag atg ctt cag gca gca cat cag			1296
Phe Gln Thr Ala Ala Arg Arg Thr Glu Met Leu Gln Ala Ala His Gln			
	420	425	430
gca gcg gag gcc aag aag gtg aag ccc acc cct cca ccg aac gat tgg			1344
Ala Ala Glu Ala Lys Lys Val Lys Pro Thr Pro Pro Pro Asn Asp Trp			
	435	440	445
gct gtg aca cag gtc caa tgc tgc gtg aat tgg aga tca ggt ggc gtg			1392
Ala Val Thr Gln Val Gln Cys Cys Val Asn Trp Arg Ser Gly Gly Val			
	450	455	460
ttg gcc aat cac ctc tct gga ggc ttg aac cac cag atc gag cat cat			1440
Leu Ala Asn His Leu Ser Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His			
	465	470	475
ctg ttc ccc agc atc tgc cat gcc aac tac ccc acc atc gcc cct gtt			1488
Leu Phe Pro Ser Ile Ser His Ala Asn Tyr Pro Thr Ile Ala Pro Val			
	485	490	495
gtg aag gag gtg tgc gag gag tac ggg ttg ccg tac aag aat tac gtc			1536
Val Lys Glu Val Cys Glu Glu Tyr Gly Leu Pro Tyr Lys Asn Tyr Val			
	500	505	510
acg ttc tgg gat gca gtc tgt ggc atg gtt cag cac ctc cgg ttg atg			1584
Thr Phe Trp Asp Ala Val Cys Gly Met Val Gln His Leu Arg Leu Met			
	515	520	525
ggg gct cca ccg gtg cca acg aac ggg gac aaa aag tca taa			1626
Gly Ala Pro Pro Val Pro Thr Asn Gly Asp Lys Lys Ser			
	530	535	540

<210> 40
 <211> 541
 <212> PRT
 <213> *Euglena gracilis*

<400> 40

Met Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Val Lys Gln Tyr Ser Gln Lys
1 5 10 15

Asn Gly Lys Pro Glu Asn Gly Ala Thr Pro Glu Asn Gly Ala Lys Pro
20 25 30

Gln Pro Cys Glu Asn Gly Thr Val Glu Lys Arg Glu Asn Asp Thr Ala
35 40 45

Asn Val Arg Pro Thr Arg Pro Ala Gly Pro Pro Pro Ala Thr Tyr Tyr
50 55 60

Asp Ser Leu Ala Val Ser Gly Gln Gly Lys Glu Arg Leu Phe Thr Thr
65 70 75 80

Asp Glu Val Arg Arg His Ile Leu Pro Thr Asp Gly Trp Leu Thr Cys
85 90 95

His Glu Gly Val Tyr Asp Val Thr Asp Phe Leu Ala Lys His Pro Gly
100 105 110

Gly Gly Val Ile Thr Leu Gly Leu Gly Arg Asp Cys Thr Ile Leu Ile
115 120 125

Glu Ser Tyr His Pro Ala Gly Arg Pro Asp Lys Val Met Glu Lys Tyr
130 135 140

Arg Ile Gly Thr Leu Gln Asp Pro Lys Thr Phe Tyr Ala Trp Gly Glu
145 150 155 160

Ser Asp Phe Tyr Pro Glu Leu Lys Arg Arg Ala Leu Ala Arg Leu Lys
165 170 175

Glu Ala Gly Gln Ala Arg Arg Gly Gly Leu Gly Val Lys Ala Leu Leu
180 185 190

Val Leu Thr Leu Phe Phe Val Ser Trp Tyr Met Trp Val Ala His Lys
195 200 205

Ser Phe Leu Trp Ala Ala Val Trp Gly Phe Ala Gly Ser His Val Gly
210 215 220

Leu Ser Ile Gln His Asp Gly Asn His Gly Ala Phe Ser Arg Asn Thr
225 230 235 240

Leu Val Asn Arg Leu Ala Gly Trp Gly Met Asp Leu Ile Gly Ala Ser
245 250 255

Ser Thr Val Trp Glu Tyr Gln His Val Ile Gly His His Gln Tyr Thr
260 265 270

Asn Leu Val Ser Asp Thr Leu Phe Ser Leu Pro Glu Asn Asp Pro Asp
 275 280 285

Val Phe Ser Ser Tyr Pro Leu Met Arg Met His Pro Asp Thr Ala Trp
 290 295 300

Gln Pro His His Arg Phe Gln His Leu Phe Ala Phe Pro Leu Phe Ala
 305 310 315 320

Leu Met Thr Ile Ser Lys Val Leu Thr Ser Asp Phe Ala Val Cys Leu
 325 330 335

Ser Met Lys Lys Gly Ser Ile Asp Cys Ser Ser Arg Leu Val Pro Leu
 340 345 350

Glu Gly Gln Leu Leu Phe Trp Gly Ala Lys Leu Ala Asn Phe Leu Leu
 355 360 365

Gln Ile Val Leu Pro Cys Tyr Leu His Gly Thr Ala Met Gly Leu Ala
 370 375 380

Leu Phe Ser Val Ala His Leu Val Ser Gly Glu Tyr Leu Ala Ile Cys
 385 390 395 400

Phe Ile Ile Asn His Ile Ser Glu Ser Cys Glu Phe Met Asn Thr Ser
 405 410 415

Phe Gln Thr Ala Ala Arg Arg Thr Glu Met Leu Gln Ala Ala His Gln
 420 425 430

Ala Ala Glu Ala Lys Lys Val Lys Pro Thr Pro Pro Asn Asp Trp
 435 440 445

Ala Val Thr Gln Val Gln Cys Cys Val Asn Trp Arg Ser Gly Gly Val
 450 455 460

Leu Ala Asn His Leu Ser Gly Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His
 465 470 475 480

Leu Phe Pro Ser Ile Ser His Ala Asn Tyr Pro Thr Ile Ala Pro Val
 485 490 495

Val Lys Glu Val Cys Glu Glu Tyr Gly Leu Pro Tyr Lys Asn Tyr Val
 500 505 510

Thr Phe Trp Asp Ala Val Cys Gly Met Val Gln His Leu Arg Leu Met
 515 520 525

Gly Ala Pro Pro Val Pro Thr Asn Gly Asp Lys Lys Ser
 530 535 540

<210> 41
 <211> 1548
 <212> DNA
 <213> Thraustochytrium

<220>
 <221> CDS
 <222> (1) .. (1548)
 <223> Delta-4-Desaturase

<400> 41
 atg acg gtc ggg ttt gac gaa acg gtg act atg gac acg gtc cgc aac 48
 Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn
 1 5 10 15
 cac aac atg ccg gac gac gcc tgg tgc gcg atc cac ggc acc gtg tac 96
 His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr
 20 25 30
 gac atc acc aag ttc agc aag gtg cac ccc ggc ggg gac atc atc atg 144
 Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met
 35 40 45
 ctg gcc gct ggc aag gag gcc acc atc ctg ttc gag acc tac cac atc 192
 Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile
 50 55 60
 aag ggc gtc ccg gac gcg gtg ctg cgc aag tac aag gtc ggc aag ctc 240
 Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu
 65 70 75 80
 ccc cag ggc aag aag ggc gaa acg agc cac atg ccc acc ggc ctc gac 288
 Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp
 85 90 95
 tcg gcc tcc tac tac tcg tgg gac agc gag ttt tac agg gtg ctc cgc 336
 Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg
 100 105 110
 gag cgc gtc gcc aag aag ctg gcc gag ccc ggc ctc atg cag cgc gcg 384
 Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala
 115 120 125
 cgc atg gag ctc tgg gcc aag gcg atc ttc ctc ctg gca ggt ttc tgg 432
 Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp
 130 135 140
 ggc tcc ctt tac gcc atg tgc gtg cta gac ccg cac ggc ggt gcc atg 480
 Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met
 145 150 155 160
 gta gcc gcc gtt acg ctc gcc gtg ttc gct gcc ttt gtc gga act tgc 528
 Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys
 165 170 175
 atc cag cac gac ggc agc cac gcc gcc ttc tcc aag tcg cga ttc atg 576
 Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met
 180 185 190
 aac aag gcg gcg ggc tgg acc ctc gac atg atc ggc gcg agt gcg atg 624
 Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met
 195 200 205
 acc tgg gag atg cag cac gtt ctt ggc cac cac ccg tac acc aac ctc 672
 Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu

210	215	220	
atc gag atg gag aac ggt ttg gcc aag gtc aag ggc gcc gac gtc gac Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp 225 230 235 240			720
cgc aag aag gtc gac cag gag agc gac ccg gac gtc ttc agt acg tac Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr 245 250 255			768
ccg atg ctt cgc ctg cac ccg tgg cac cgc cag cgg ttt tac cac aag Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys 260 265 270			816
ttc cag cac ctg tac gcc ccg ttt atc ttt ggg tct atg acg att aac Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Ser Met Thr Ile Asn 275 280 285			864
aag gtg att tcc cag gat gtc ggg gtt gtg ctg cgc aag cgc ctg ttc Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe 290 295 300			912
cag atc gac gcc aac tgc cgg tat ggc agc ccc tgg tac gtg gcc cgc Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg 305 310 315 320			960
ttc tgg atc atg aag ctc ctc acc acg ctc tac atg gtg gcg ctt ccc Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro 325 330 335			1008
atg tac atg cag ggg cct gct cag ggc ttg aag ctt ttc ttc atg gcc Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala 340 345 350			1056
cac ttc acc tgc gga gag gtc ctc gcc acc atg ttt att gtc aac cac His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His 355 360 365			1104
atc atc gag ggc gtc agc tac gct tcc aag gac gcg gtc aag ggc gtc Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val 370 375 380			1152
atg gct ccg ccg cgc act gtg cac ggt gtc acc ccg atg cag gtg acg Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr 385 390 395 400			1200
caa aag gcg ctc agt gcg gcc gag tcg gcc aag tcg gac gcc gac aag Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Ala Lys Ser Asp Ala Asp Lys 405 410 415			1248
acg acc atg atc ccc ctc aac gac tgg gcc gct gtg cag tgc cag acc Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr 420 425 430			1296
tct gtg aac tgg gct gtc ggg tcg tgg ttt tgg aac cac ttt tcg ggc Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly 435 440 445			1344
ggc ctc aac cac cag att gag cac cac tgc ttc ccc caa aac ccc cac Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His 450 455 460			1392
acg gtc aac gtc tac atc tcg ggc atc gtc aag gag acc tgc gaa gaa Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu 465 470 475 480			1440
tac ggc gtg ccg tac cag gct gag atc agc ctc ttc tct gcc tat ttc Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe 485 490 495			1488

	485	490	495	
aag atg ctg tgc cac ctc cgc acg ctc ggc aac gag gac ctc acg gcc				1536
Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala				
	500	505	510	
tgg tcc acg tga				1548
Trp Ser Thr				
	515			
<210>	42			
<211>	515			
<212>	PRT			
<213>	Thraustochytrium			
<400>	42			
Met Thr Val Gly Phe Asp Glu Thr Val Thr Met Asp Thr Val Arg Asn				
1	5	10	15	
His Asn Met Pro Asp Asp Ala Trp Cys Ala Ile His Gly Thr Val Tyr				
	20	25	30	
Asp Ile Thr Lys Phe Ser Lys Val His Pro Gly Gly Asp Ile Ile Met				
	35	40	45	
Leu Ala Ala Gly Lys Glu Ala Thr Ile Leu Phe Glu Thr Tyr His Ile				
	50	55	60	
Lys Gly Val Pro Asp Ala Val Leu Arg Lys Tyr Lys Val Gly Lys Leu				
	65	70	75	80
Pro Gln Gly Lys Lys Gly Glu Thr Ser His Met Pro Thr Gly Leu Asp				
	85	90	95	
Ser Ala Ser Tyr Tyr Ser Trp Asp Ser Glu Phe Tyr Arg Val Leu Arg				
	100	105	110	
Glu Arg Val Ala Lys Lys Leu Ala Glu Pro Gly Leu Met Gln Arg Ala				
	115	120	125	
Arg Met Glu Leu Trp Ala Lys Ala Ile Phe Leu Leu Ala Gly Phe Trp				
	130	135	140	
Gly Ser Leu Tyr Ala Met Cys Val Leu Asp Pro His Gly Gly Ala Met				
	145	150	155	160
Val Ala Ala Val Thr Leu Gly Val Phe Ala Ala Phe Val Gly Thr Cys				
	165	170	175	
Ile Gln His Asp Gly Ser His Gly Ala Phe Ser Lys Ser Arg Phe Met				
	180	185	190	
Asn Lys Ala Ala Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Met				
	195	200	205	

Thr Trp Glu Met Gln His Val Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Leu
 210 215 220
 Ile Glu Met Glu Asn Gly Leu Ala Lys Val Lys Gly Ala Asp Val Asp
 225 230 235 240
 Pro Lys Lys Val Asp Gln Glu Ser Asp Pro Asp Val Phe Ser Thr Tyr
 245 250 255
 Pro Met Leu Arg Leu His Pro Trp His Arg Gln Arg Phe Tyr His Lys
 260 265 270
 Phe Gln His Leu Tyr Ala Pro Phe Ile Phe Gly Ser Met Thr Ile Asn
 275 280 285
 Lys Val Ile Ser Gln Asp Val Gly Val Val Leu Arg Lys Arg Leu Phe
 290 295 300
 Gln Ile Asp Ala Asn Cys Arg Tyr Gly Ser Pro Trp Tyr Val Ala Arg
 305 310 315 320
 Phe Trp Ile Met Lys Leu Leu Thr Thr Leu Tyr Met Val Ala Leu Pro
 325 330 335
 Met Tyr Met Gln Gly Pro Ala Gln Gly Leu Lys Leu Phe Phe Met Ala
 340 345 350
 His Phe Thr Cys Gly Glu Val Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His
 355 360 365
 Ile Ile Glu Gly Val Ser Tyr Ala Ser Lys Asp Ala Val Lys Gly Val
 370 375 380
 Met Ala Pro Pro Arg Thr Val His Gly Val Thr Pro Met Gln Val Thr
 385 390 395 400
 Gln Lys Ala Leu Ser Ala Ala Glu Ser Ala Lys Ser Asp Ala Asp Lys
 405 410 415
 Thr Thr Met Ile Pro Leu Asn Asp Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr
 420 425 430
 Ser Val Asn Trp Ala Val Gly Ser Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly
 435 440 445
 Gly Leu Asn His Gln Ile Glu His His Cys Phe Pro Gln Asn Pro His
 450 455 460
 Thr Val Asn Val Tyr Ile Ser Gly Ile Val Lys Glu Thr Cys Glu Glu
 465 470 475 480

Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ala Glu Ile Ser Leu Phe Ser Ala Tyr Phe
 485 490 495

Lys Met Leu Ser His Leu Arg Thr Leu Gly Asn Glu Asp Leu Thr Ala
 500 505 510

Trp Ser Thr
 515

<210> 43
 <211> 960
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(960)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 43
 atg gtg ttg tac aat gtg gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg 48
 Met Val Leu Tyr Asn Val Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val
 1 5 10 15
 tat gcg att gtg gat gcg gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga 96
 Tyr Ala Ile Val Asp Ala Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly
 20 25 30
 agt aga agt ttg gtt ggg gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg 144
 Ser Arg Ser Leu Val Gly Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala
 35 40 45
 gtg tgg gtt cat tat tgt gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat 192
 Val Trp Val His Tyr Cys Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr
 50 55 60
 ttt atg gtg ttg agg ggg aaa atg gac cag atg gta ctt ggt gaa gtt 240
 Phe Met Val Leu Arg Gly Lys Met Asp Gln Met Val Leu Gly Glu Val
 65 70 75 80
 ggt ggc agt gtg tgg tgt ggc gtt gga tat atg gat atg gag aag atg 288
 Gly Gly Ser Val Trp Cys Gly Val Gly Tyr Met Asp Met Glu Lys Met
 85 90 95
 ata cta ctc agc ttt gga gtg cat cgg tct gct cag gga acg ggg aag 336
 Ile Leu Leu Ser Phe Gly Val His Arg Ser Ala Gln Gly Thr Gly Lys
 100 105 110
 gct ttc acc aac aac gtt acc aat cca cat ctc acg ctt cca cct cat 384
 Ala Phe Thr Asn Asn Val Thr Asn Pro His Leu Thr Leu Pro Pro His
 115 120 125
 tct aca aaa aca aaa aaa cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac 432
 Ser Thr Lys Thr Lys Lys Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His
 130 135 140
 acg acc ata gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt 480
 Thr Thr Ile Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly
 145 150 155 160
 gga gac att tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc 528
 Gly Asp Ile Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu

73

165	170	175	
atg tat tcc tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg			576
Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp			
180	185	190	
aaa cga tac ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg			624
Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val			
195	200	205	
gtt tat acg ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat			672
Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Thr His Thr Lys His			
210	215	220	
gga gcg gat gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt			720
Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys			
225	230	235	240
gga gtg cag gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc			768
Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile			
245	250	255	
ttt tat aaa cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat			816
Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp			
260	265	270	
agc aag aag aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct			864
Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala			
275	280	285	
atg aag gat ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg			912
Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala			
290	295	300	
aag gat gct gga aag ttg gtg gct acg aga gta agg tgt aag gtg taa			960
Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val			
305	310	315	

<210> 44
 <211> 319
 <212> PRT
 <213> Thalassiosira pseudonana

<400> 44

Met Val Leu Tyr Asn Val Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val
 1 5 10 15

Tyr Ala Ile Val Asp Ala Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly
 20 25 30

Ser Arg Ser Leu Val Gly Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala
 35 40 45

Val Trp Val His Tyr Cys Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr
 50 55 60

Phe Met Val Leu Arg Gly Lys Met Asp Gln Met Val Leu Gly Glu Val
 65 70 75 80

Gly Gly Ser Val Trp Cys Gly Val Gly Tyr Met Asp Met Glu Lys Met
 85 90 95

Ile Leu Leu Ser Phe Gly Val His Arg Ser Ala Gln Gly Thr Gly Lys
 100 105 110

Ala Phe Thr Asn Asn Val Thr Asn Pro His Leu Thr Leu Pro Pro His
 115 120 125

Ser Thr Lys Thr Lys Lys Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His
 130 135 140

Thr Thr Ile Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly
 145 150 155 160

Gly Asp Ile Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu
 165 170 175

Met Tyr Ser Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp
 180 185 190

Lys Arg Tyr Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val
 195 200 205

Val Tyr Thr Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His
 210 215 220

Gly Ala Asp Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys
 225 230 235 240

Gly Val Gln Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile
 245 250 255

Phe Tyr Lys Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp
 260 265 270

Ser Lys Lys Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala
 275 280 285

Met Lys Asp Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala
 290 295 300

Lys Asp Ala Gly Lys Leu Val Ala Thr Arg Val Arg Cys Lys Val
 305 310 315

<210> 45
 <211> 819
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(819)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 45
 atg gac gcc tac aac gct gca atg gat aag atc ggt gcc gcc atc atc 48
 Met Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Met Asp Lys Ile Gly Ala Ala Ile Ile
 1 5 10 15

gat tgg tct gat ccc gat gga aag ttc cgt gcc gat aga gag gac tgg 96
 Asp Trp Ser Asp Pro Asp Gly Lys Phe Arg Ala Asp Arg Glu Asp Trp
 20 25 30

tgg ctc tgc gac ttc cgt agc gcc atc acc atc gcc ctc atc tac atc 144
 Trp Leu Cys Asp Phe Arg Ser Ala Ile Thr Ile Ala Leu Ile Tyr Ile
 35 40 45

gcc ttc gtc atc ctc ggt tcc gcc gtc atg caa tcc ctc ccc gca atg 192
 Ala Phe Val Ile Leu Gly Ser Ala Val Met Gln Ser Leu Pro Ala Met
 50 55 60

gat ccc tac ccc atc aaa ttc ctc tac aac gtc tcc caa atc ttc ctt 240
 Asp Pro Tyr Pro Ile Lys Phe Leu Tyr Asn Val Ser Gln Ile Phe Leu
 65 70 75 80

tgt gcc tac atg act gtc gag gcg gga ttt ttg gcc tac cgc aat gga 288
 Cys Ala Tyr Met Thr Val Glu Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Arg Asn Gly
 85 90 95

tat acc gtc atg cct tgc aat cat ttc aat gtg aat gat cct ccc gtg 336
 Tyr Thr Val Met Pro Cys Asn His Phe Asn Val Asn Asp Pro Pro Val
 100 105 110

gcg aat ctt ctt tgg ttg ttt tat att tcc aag gtg tgg gac ttt tgg 384
 Ala Asn Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Ile Ser Lys Val Trp Asp Phe Trp
 115 120 125

gat acc att ttc att gtg ttg ggg aag aag tgg cgt caa tta tct ttc 432
 Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu Ser Phe
 130 135 140

ttg cat gta tac cat cac acc acc atc ttt cta ttc tat tgg ctg aat 480
 Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp Leu Asn
 145 150 155 160

gcc aat gtc ttg tac gat ggt gac atc ttc ctt acc atc ttg ctc aat 528
 Ala Asn Val Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Leu Leu Asn
 165 170 175

gga ttc atc cac acg gtg atg tac acg tat tac ttc atc tgt atg cat 576
 Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys Met His
 180 185 190

acc aaa gat tcc aag acg ggc aag agt ctt cct ata tgg tgg aag tcg 624
 Thr Lys Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser
 195 200 205

agt ttg acg gcg ttt cag ttg ttg caa ttc act atc atg atg agt cag 672
 Ser Leu Thr Ala Phe Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ile Met Met Ser Gln
 210 215 220

gct acc tac ctt gtc ttc cac ggg tgt gat aag gtg tcg ctt cgt atc 720
 Ala Thr Tyr Leu Val Phe His Gly Cys Asp Lys Val Ser Leu Arg Ile
 225 230 235 240

acg att gtg tac ttt gtg tcc ctt ttg agt ttg ttc ttc ctt ttt gct 768
 Thr Ile Val Tyr Phe Val Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Leu Phe Ala
 245 250 255

cag ttc ttt gtg caa tca tac atg gca ccc aaa aag aag aag agt gct 816
 Gln Phe Phe Val Gln Ser Tyr Met Ala Pro Lys Lys Lys Lys Ser Ala

260 265 270 819

tag

<210> 46
 <211> 272
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 46

Met Asp Ala Tyr Asn Ala Ala Met Asp Lys Ile Gly Ala Ala Ile Ile
 1 5 10 15

Asp Trp Ser Asp Pro Asp Gly Lys Phe Arg Ala Asp Arg Glu Asp Trp
 20 25 30

Trp Leu Cys Asp Phe Arg Ser Ala Ile Thr Ile Ala Leu Ile Tyr Ile
 35 40 45

Ala Phe Val Ile Leu Gly Ser Ala Val Met Gln Ser Leu Pro Ala Met
 50 55 60

Asp Pro Tyr Pro Ile Lys Phe Leu Tyr Asn Val Ser Gln Ile Phe Leu
 65 70 75 80

Cys Ala Tyr Met Thr Val Glu Ala Gly Phe Leu Ala Tyr Arg Asn Gly
 85 90 95

Tyr Thr Val Met Pro Cys Asn His Phe Asn Val Asn Asp Pro Pro Val
 100 105 110

Ala Asn Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Ile Ser Lys Val Trp Asp Phe Trp
 115 120 125

Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu Ser Phe
 130 135 140

Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp Leu Asn
 145 150 155 160

Ala Asn Val Leu Tyr Asp Gly Asp Ile Phe Leu Thr Ile Leu Leu Asn
 165 170 175

Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys Met His
 180 185 190

Thr Lys Asp Ser Lys Thr Gly Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp Lys Ser
 195 200 205

Ser Leu Thr Ala Phe Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ile Met Met Ser Gln
 210 215 220

Ala Thr Tyr Leu Val Phe His Gly Cys Asp Lys Val Ser Leu Arg Ile
 225 230 235 240

Thr Ile Val Tyr Phe Val Ser Leu Leu Ser Leu Phe Phe Leu Phe Ala
 245 250 255

Gln Phe Phe Val Gln Ser Tyr Met Ala Pro Lys Lys Lys Lys Ser Ala
 260 265 270

<210> 47
 <211> 936
 <212> DNA
 <213> Crypthecodinium cohnii

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(936)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 47
 atg tct gcc ttc atg act ctc cca cag gct ctc tcc gat gtg acc tcg 48
 Met Ser Ala Phe Met Thr Leu Pro Gln Ala Leu Ser Asp Val Thr Ser
 1 5 10 15
 gcc ttg gtc acg ctg gga aag gat gtc tcc agc cct tca gct ttt caa 96
 Ala Leu Val Thr Leu Gly Lys Asp Val Ser Ser Pro Ser Ala Phe Gln
 20 25 30
 gct gtc act ggc ttc tgc agg gag cag tgg ggg att ccg aca gta ttc 144
 Ala Val Thr Gly Phe Cys Arg Glu Gln Trp Gly Ile Pro Thr Val Phe
 35 40 45
 tgc ctg ggc tac ttg gcc atg gtc tac gcg gcc aga aga ccc ctc ccg 192
 Cys Leu Gly Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Ala Arg Arg Pro Leu Pro
 50 55 60
 cag cac ggc tac atg gtt gcg gtg gac cgt tgc ttc gct gct tgg aac 240
 Gln His Gly Tyr Met Val Ala Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn
 65 70 75 80
 ttg gct ctc tct gtc ttc agc act tgg ggc ttc tac cac atg gct gtc 288
 Leu Ala Leu Ser Val Phe Ser Thr Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val
 85 90 95
 ggg ctc tac aac atg aca gag acg agg ggc ttg caa ttc acc atc tgc 336
 Gly Leu Tyr Asn Met Thr Glu Thr Arg Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys
 100 105 110
 ggt tcg act ggg gag ctc gtg cag aac ctt cag act ggc cca acc gct 384
 Gly Ser Thr Gly Glu Leu Val Gln Asn Leu Gln Thr Gly Pro Thr Ala
 115 120 125
 ctg gcg ctc tgc ctc ttc tgc ttc agc aag atc ccc gag ttg atg gac 432
 Leu Ala Leu Cys Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Met Asp
 130 135 140
 acg gtg ttt ctc atc ctg aag gcc aag aag gtc cgc ttc ttg cag tgg 480
 Thr Val Phe Leu Ile Leu Lys Ala Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp
 145 150 155 160
 tac cac cat gcc aca gtc atg ctc ttc tgt tgg ctc gcc ctc gcg acg 528
 Tyr His His Ala Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Leu Ala Leu Ala Thr
 165 170 175

gag tac act cct ggc ttg tgg ttt gcg gcg acg aac tac ttc gtg cac 576
 Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His
 180 185 190
 tcc atc atg tac atg tac ttc ttc ctc atg acc ttc aag tcg gcc gcg 624
 Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala
 195 200 205
 aag gtg gtg aag ccc atc gcc cct ctc atc aca gtt atc cag att gct 672
 Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala
 210 215 220
 cag atg gtc tgg ggc ctc atc gtc aac ggc atc gcc atc acc acc ttc 720
 Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe
 225 230 235 240
 ttc acg act ggt gcc tgc cag atc cag tct gtg act gtg tat tcg gcc 768
 Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala
 245 250 255
 atc atc atg tac gct tcg tac ttc tac ctg ttc tcc cag ctc ttc ttc 816
 Ile Ile Met Thr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe
 260 265 270
 gag gcc cat ggt gcc gct ggc aag aac aag aag aag ttg acc cgc gag 864
 Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu
 275 280 285
 ctc tct cga aaa atc tcg gag gct ctc ctg aac acc ggt gac gag gtt 912
 Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val
 290 295 300
 tcc aag cac ctg aag gtg aat tga 936
 Ser Lys His Leu Lys Val Asn
 305 310

<210> 48
 <211> 311
 <212> PRT
 <213> *Crypthecodinium cohnii*

<400> 48

Met Ser Ala Phe Met Thr Leu Pro Gln Ala Leu Ser Asp Val Thr Ser
1 5 10 15

Ala Leu Val Thr Leu Gly Lys Asp Val Ser Ser Pro Ser Ala Phe Gln
20 25 30

Ala Val Thr Gly Phe Cys Arg Glu Gln Trp Gly Ile Pro Thr Val Phe
35 40 45

Cys Leu Gly Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Ala Arg Arg Pro Leu Pro
50 55 60

Gln His Gly Tyr Met Val Ala Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn
65 70 75 80

Leu Ala Leu Ser Val Phe Ser Thr Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val
85 90 95

Gly Leu Tyr Asn Met Thr Glu Thr Arg Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys
 100 105 110

Gly Ser Thr Gly Glu Leu Val Gln Asn Leu Gln Thr Gly Pro Thr Ala
 115 120 125

Leu Ala Leu Cys Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Met Asp
 130 135 140

Thr Val Phe Leu Ile Leu Lys Ala Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp
 145 150 155 160

Tyr His His Ala Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Leu Ala Leu Ala Thr
 165 170 175

Glu Tyr Thr Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His
 180 185 190

Ser Ile Met Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Ser Ala Ala
 195 200 205

Lys Val Val Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Val Ile Gln Ile Ala
 210 215 220

Gln Met Val Trp Gly Leu Ile Val Asn Gly Ile Ala Ile Thr Thr Phe
 225 230 235 240

Phe Thr Thr Gly Ala Cys Gln Ile Gln Ser Val Thr Val Tyr Ser Ala
 245 250 255

Ile Ile Met Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Ser Gln Leu Phe Phe
 260 265 270

Glu Ala His Gly Ala Ala Gly Lys Asn Lys Lys Lys Leu Thr Arg Glu
 275 280 285

Leu Ser Arg Lys Ile Ser Glu Ala Leu Leu Asn Thr Gly Asp Glu Val
 290 295 300

Ser Lys His Leu Lys Val Asn
 305 310

<210> 49
 <211> 927
 <212> DNA
 <213> Crypthecodinium cohnii

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(927)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 49

atg gct tcc tac caa caa gca ttc tcc gaa ttg gct aga gct ttg tcc	48
Met Ala Ser Tyr Gln Gln Ala Phe Ser Glu Leu Ala Arg Ala Leu Ser	
1 5 10 15	
act ttg aac cac gac ttc tcc agc gtc gag cca ttc aaa gtc gtg acg	96
Thr Leu Asn His Asp Phe Ser Ser Val Glu Pro Phe Lys Val Val Thr	
20 25 30	
cag ttc tgc agg gac cag tgg gcg atc ccg aca gtc ttt tgc atc ggt	144
Gln Phe Cys Arg Asp Gln Trp Ala Ile Pro Thr Val Phe Cys Ile Gly	
35 40 45	
tac ttg gca atg gtc tac gcc acg cga aga cct atc gcg aag cac ccc	192
Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Thr Arg Arg Pro Ile Ala Lys His Pro	
50 55 60	
tac atg tct ctc gtg gat cgc tgc ttt gcg gcc tgg aac ttg ggc ctc	240
Gln Met Ser Leu Val Asp Arg Cys Phe Ala Trp Asn Leu Gly Leu	
65 70 75 80	
tcg ctc ttc agt tgc tgg ggc ttc tac cac atg gca gtg gga ctc tcc	288
Ser Leu Phe Ser Cys Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val Gly Leu Ser	
85 90 95	
cac acc act tgg aat ttc ggg ctc cag ttc acc atc tgc ggc agc acc	336
His Thr Thr Trp Asn Phe Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys Gly Ser Thr	
100 105 110	
acg gag ctt gtg aat ggc ttc cag aag ggc ccg gcg gcc ctc gcc ctc	384
Thr Glu Leu Val Asn Gly Phe Gln Lys Gly Pro Ala Ala Leu Ala Leu	
115 120 125	
atc ctg ttc tgc ttc tcc aag atc ccg gag ttg ggc gac acc gtc ttc	432
Ile Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Gly Asp Thr Val Phe	
130 135 140	
ttg atc ttg aag gga aag aag gtc cgc ttc ttg cag tgg tac cac cac	480
Leu Ile Leu Lys Gly Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp Tyr His His	
145 150 155 160	
acg acc gtg atg ctc ttc tgt tgg atg gcc ttg gcg act gag tac act	528
Thr Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Met Ala Leu Ala Thr Glu Tyr Thr	
165 170 175	
cct gga ttg tgg ttc gcg gcc acg aac tac ttc gtg cac tcc atc atg	576
Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His Ser Ile Met	
180 185 190	
tac atg tac ttc ttc ctc atg acc ttc aag acg gcc gcc ggc atc atc	624
Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Thr Ala Ala Gly Ile Ile	
195 200 205	
aag ccc atc gcg cct ctc atc acc atc atc cag atc tcc cag atg gtc	672
Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Ile Ile Gln Ile Ser Gln Met Val	
210 215 220	
tgg ggc ttg gtc gtg aac gcc atc gcc gtc ggc acc ttc ttc acc aca	720
Trp Gly Leu Val Val Asn Ala Ile Ala Val Gly Thr Phe Phe Thr Thr	
225 230 235 240	
ggc aac tgc cag atc cag gca gtg aca gtc tac tcc gcc atc gtg atg	768
Gly Asn Cys Gln Ile Gln Ala Val Thr Val Tyr Ser Ala Ile Val Met	
245 250 255	
tac gcc tcc tac ttc tac ctc ttc ggc cag ctc ttc ttc gag gcc cag	816
Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Gly Gln Leu Phe Phe Glu Ala Gln	
260 265 270	

ggt tct gct gga aag gac aag aag aag ttg gcc cga gag ctg agc cga 864
 Gly Ser Ala Gly Lys Asp Lys Lys Lys Leu Ala Arg Glu Leu Ser Arg
 275 280 285
 aag gtc tct cgg gct ctc aca gca acg ggc gaa gag gtg tct aag cac 912
 Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
 290 295 300
 atg aag gtg aat tga 927
 Met Lys Val Asn
 305

<210> 50
 <211> 308
 <212> PRT
 <213> Crypthecodinium cohnii
 <400> 50

Met Ala Ser Tyr Gln Gln Ala Phe Ser Glu Leu Ala Arg Ala Leu Ser
 1 5 10 15

Thr Leu Asn His Asp Phe Ser Ser Val Glu Pro Phe Lys Val Val Thr
 20 25 30

Gln Phe Cys Arg Asp Gln Trp Ala Ile Pro Thr Val Phe Cys Ile Gly
 35 40 45

Tyr Leu Ala Met Val Tyr Ala Thr Arg Arg Pro Ile Ala Lys His Pro
 50 55 60

Tyr Met Ser Leu Val Asp Arg Cys Phe Ala Ala Trp Asn Leu Gly Leu
 65 70 75 80

Ser Leu Phe Ser Cys Trp Gly Phe Tyr His Met Ala Val Gly Leu Ser
 85 90 95

His Thr Thr Trp Asn Phe Gly Leu Gln Phe Thr Ile Cys Gly Ser Thr
 100 105 110

Thr Glu Leu Val Asn Gly Phe Gln Lys Gly Pro Ala Ala Leu Ala Leu
 115 120 125

Ile Leu Phe Cys Phe Ser Lys Ile Pro Glu Leu Gly Asp Thr Val Phe
 130 135 140

Leu Ile Leu Lys Gly Lys Lys Val Arg Phe Leu Gln Trp Tyr His His
 145 150 155 160

Thr Thr Val Met Leu Phe Cys Trp Met Ala Leu Ala Thr Glu Tyr Thr
 165 170 175

Pro Gly Leu Trp Phe Ala Ala Thr Asn Tyr Phe Val His Ser Ile Met
 180 185 190

Tyr Met Tyr Phe Phe Leu Met Thr Phe Lys Thr Ala Ala Gly Ile Ile .
 195 200 205

Lys Pro Ile Ala Pro Leu Ile Thr Ile Ile Gln Ile Ser Gln Met Val
 210 215 220

Trp Gly Leu Val Val Asn Ala Ile Ala Val Gly Thr Phe Phe Thr Thr
 225 230 235 240

Gly Asn Cys Gln Ile Gln Ala Val Thr Val Tyr Ser Ala Ile Val Met
 245 250 255

Tyr Ala Ser Tyr Phe Tyr Leu Phe Gly Gln Leu Phe Phe Glu Ala Gln
 260 265 270

Gly Ser Ala Gly Lys Asp Lys Lys Lys Leu Ala Arg Glu Leu Ser Arg
 275 280 285

Lys Val Ser Arg Ala Leu Thr Ala Thr Gly Glu Glu Val Ser Lys His
 290 295 300

Met Lys Val Asn
 305

<210> 51
 <211> 795
 <212> DNA
 <213> Oncorhynchus mykiss

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(795)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 51
 atg gct tca aca tgg caa agc gtt cag tcc atg cgc cag tgg att tta 48
 Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
 1 5 10 15
 gag aat gga gat aaa agg aca gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct 96
 Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
 20 25 30
 atg cca gtg gcc att ata ttc ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct 144
 Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
 35 40 45
 ggg ccc aag ctg atg aaa cgc agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta 192
 Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
 50 55 60
 ctc att gtc tac aac ttc gcc atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc 240
 Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
 65 70 75 80
 cat gag ttc ttg gtc acg tcc ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt 288
 His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
 85 90 95

83

caa cct gtg gat tac agc act agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa 336
 Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
 100 105 110

gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg 384
 Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
 115 120 125

gtg ttc ttc atc ctg agg aag aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat 432
 Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
 130 135 140

gtc tat cac cat ggc acc atg atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag 480
 Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
 145 150 155 160

tat ctg gct gga ggc caa tgc ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt 528
 Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
 165 170 175

gtg cac atc gtg atg tac tct tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct 576
 Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
 180 185 190

cac acg cag aag tac tta tgg tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag 624
 His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
 195 200 205

ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg acc act cac act ggc tac aac ctc ttc 672
 Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
 210 215 220

act gag tgt gac ttc ccg gac tcc atg aac gct gtg gtg ttt gcc tac 720
 Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
 225 230 235 240

tgt gtc agt ctc att gct ctc ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac 768
 Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
 245 250 255

ctc aac agg aag agc aag aag aca taa 795
 Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
 260

<210> 52
 <211> 264
 <212> PRT
 <213> Oncorhynchus mykiss

<400> 52

Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
 1 5 10 15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
 20 25 30

Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
 35 40 45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
 50 55 60

84

Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
65 70 75 80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
85 90 95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
100 105 110

Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
115 120 125

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
130 135 140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
145 150 155 160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
165 170 175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
180 185 190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
195 200 205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
210 215 220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
225 230 235 240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
245 250 255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
260

<210> 53
<211> 885
<212> DNA
<213> Oncorhynchus mykiss

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(885)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 53
atg gag act ttt aat tat aaa cta aac atg tac ata gac tca tgg atg
Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
1 5 10 15

85

ggt ccc aga gat gag cgg gta cag gga tgg ctg ctt ctg gac aac tac Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr 20 25 30	96
cct cca acc ttt gca cta aca gtc atg tac ctg ctg atc gta tgg atg Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met 35 40 45	144
ggg ccc aag tac atg aga cac aga cag ccg gtg tct tgc cgg ggt ctc Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu 50 55 60	192
ctc ttg gtc tac aat ctg ggc ctc acg atc ttg tcc ttc tat atg ttc Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe 65 70 75 80	240
tat gag atg gtg tct gct gtg tgg cac ggg gat tat aac ttc ttt tgc Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys 85 90 95	288
caa gac aca cac agt gca gga gaa acc gat acc aag atc ata aat gtg Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val 100 105 110	336
ctg tgg tgg tac tac ttc tcc aag ctc ata gag ttt atg gat acc ttc Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe 115 120 125	384
ttc ttc atc ctg cgg aag aac aac cat caa atc acg ttt ctg cac atc Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile 130 135 140	432
tac cac cat gct agc atg ctc aac atc tgg tgg ttc gtc atg aac tgg Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp 145 150 155 160	480
gtg ccc tgt ggt cac tcc tac ttt ggt gcc tcc ctg aac agc ttc atc Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile 165 170 175	528
cat gtc ctg atg tac tct tac tat ggg ctc tct gct gtc ccg gcc ttg His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu 180 185 190	576
cgg ccc tat cta tgg tgg aag aaa tac atc aca caa gta cag ctg att Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile 195 200 205	624
cag ttc ttt ttg acc atg tcc cag acg ata tgt gca gtc att tgg cca Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro 210 215 220	672
tgt gat ttc ccc aga ggg tgg ctg tat ttc cag ata ttc tat gtc atc Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile 225 230 235 240	720
aca ctt att gcc ctt ttc tca aac ttc tac att cag act tac aag aaa Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys 245 250 255	768
cac ctt gtt tca caa aag aag gag tat cat cag aat ggc tct gtt gct His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala 260 265 270	816
tca ttg aat ggc cat gtg aat ggg gtg aca ccc acg gaa acc att aca Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr 275 280 285	864

cac agg aaa gtg agg ggg gac
 His Arg Lys Val Arg Gly Asp
 290 295

<210> 54
 <211> 295
 <212> PRT
 <213> Oncorhynchus mykiss

<400> 54

Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
 1 5 10 15

Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
 20 25 30

Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
 35 40 45

Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
 50 55 60

Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
 65 70 75 80

Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
 85 90 95

Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
 100 105 110

Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
 115 120 125

Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
 130 135 140

Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
 145 150 155 160

Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
 165 170 175

His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
 180 185 190

Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
 195 200 205

Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro
 210 215 220

Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile
 225 230 235 240

Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys
 245 250 255

His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
 260 265 270

Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
 275 280 285

His Arg Lys Val Arg Gly Asp
 290 295

<210> 55
 <211> 6753
 <212> DNA
 <213> *Oncorhynchus mykiss*

<220>
 <221> CDS
 <222> (513)..(1397)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 55
 acggattaga agccgccgag cgggtgacag ccctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt 60
 cctcgtcctc accggtcgcg ttctgaaac gcagatgtgc ctgcgccgc actgctccga 120
 acaataaaga ttctacaata ctagctttta tggttatgaa gaggaataat tggcagtaac 180
 ctggccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga 240
 ttagtttttt agccttattt ctggggtaat taatcagcga agcgatgatt tttgatctat 300
 taacagatat ataaatgcaa aaactgcatt aaccacttta actaatactt tcaacatttt 360
 cggtttgtat tactttctat tcaaagttaa taaaagtatc aacaaaaaat tgttaataata 420
 cctctatact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccgatcg gactactagc agctgtaata 480
 cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gag act ttt aat tat aaa 533
 Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys
 1 5
 cta aac atg tac ata gac tca tgg atg ggt ccc aga gat gag cgg gta 581
 Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val
 10 15 20
 cag gga tgg ctg ctt ctg gac aac tac cct cca acc ttt gca cta aca 629
 Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr Pro Pro Phe Ala Leu Thr
 25 30 35
 gtc atg tac ctg ctg atc gta tgg atg ggg ccc aag tac atg aga cac 677
 Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met Gly Pro Lys Tyr Met Arg His
 40 45 50 55
 aga cag ccg gtg tct tgc cgg ggt ctc ctc ttg gtc tac aat ctg ggc 725
 Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly
 60 65 70

ctc acg atc ttg tcc ttc tat atg ttc tat gag atg gtg tct gct gtg Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe Tyr Glu Met Val Ser Ala Val 75 80 85	773
tgg cac ggg gat tat aac ttc ttt tgc caa gac aca cac agt gca gga Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys Gln Asp Thr His Ser Ala Gly 90 95 100	821
gaa acc gat acc aag atc ata aat gtg ctg tgg tgg tac tac ttc tcc Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser 105 110 115	869
aag ctc ata gag ttt atg gat acc ttc ttc ttc atc ctg cgg aag aac Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn 120 125 130 135	917
aac cat caa atc acg ttt ctg cac atc tac cac cat gct agc atg ctc Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile Tyr His His Ala Ser Met Leu 140 145 150	965
aac atc tgg tgg ttc gtc atg aac tgg gtg ccc tgt ggt cac tcc tac Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp Val Pro Cys Gly His Ser Tyr 155 160 165	1013
ttt ggt gcc tcc ctg aac agc ttc atc cat gtc ctg atg tac tct tac Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile His Val Leu Met Tyr Ser Tyr 170 175 180	1061
tat ggg ctc tct gct gtc ccg gcc ttg cgg ccc tat cta tgg tgg aag Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys 185 190 195	1109
aaa tac atc aca caa gta cag ctg att cag ttc ttt ttg acc atg tcc Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser 200 205 210 215	1157
cag acg ata tgt gca gtc att tgg cca tgt gat ttc ccc aga ggg tgg Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp 220 225 230	1205
ctg tat ttc cag ata ttc tat gtc atc aca ctt att gcc ctt ttc tca Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser 235 240 245	1253
aac ttc tac att cag act tac aag aaa cac ctt gtt tca caa aag aag Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys His Leu Val Ser Gln Lys Lys 250 255 260	1301
gag tat cat cag aat ggc tct gtt gct tca ttg aat ggc cat gtg aat Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala Ser Leu Asn Gly His Val Asn 265 270 275	1349
ggg gtg aca ccc acg gaa acc att aca cac agg aaa gtg agg ggg gac Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr His Arg Lys Val Arg Gly Asp 280 285 290 295	1397
tgaaggatcc actagtaacg gccgccagtg tgctggaatt ctgcagatat ccagcacagt	1457
ggcggccgct cgagtctaga gggcccttcg aaggtaagcc tatccctaac cctctcctcg	1517
gtctcgattc tacgcgtacc ggtcatcatc accatcacca ttgagtttaa acccgctgat	1577
cctagagggc cgcattcatgt aattagttat gtcacgctta cattcacgcc ctccccccac	1637
atccgctcta accgaaaagg aaggagttag acaacctgaa gtctaggtcc ctattttattt	1697
ttttatagtt atggttagtat taagaacggt atttatatattt caaatttttc ttttttttct	1757

gtacagacgc gtgtacgcat gtaacattat actgaaaacc ttgcttgaga aggttttggg	1817
acgctcgaag gctttaattt gcaagctgcg gccctgcatt aatgaatcgg ccaacgcgcg	1877
gggagaggcg gtttgcgtat tgggcgctct tccgcttcct cgctcactga ctgctgcgc	1937
tcggctcgttc ggctgcggcg agcgggtatca gctcactcaa aggcggtaat acggttatcc	1997
acagaatcag gggataacgc aggaagaac atgtgagcaa aaggccagca aaagcccagg	2057
aaccgtaaaa aggccgcggt gctggcggtt tcccataggc tccgcccc tgacgagcat	2117
cacaaaaatc gacgctcaag tcagagggtg cgaaacccga caggactata aagataccag	2177
gcgtttcccc ctggaagctc ctcgtgcgc tctcctgttc cgaccctgcc gcttaccgga	2237
tacctgtccg cctttctccc ttcggaagc gtggcgcttt ctcatagctc acgctgtagg	2297
tatctcagtt cgggtgtagg cgttcgctcc aagctgggct gtgtgcacga acccccgtt	2357
cagcccgacc gctgcgcctt atccggtaac tatcgtcttg agtccaaccc ggtaagacac	2417
gacttatcgc cactggcagc agccactggg aacaggatta gcagagcgag gtatgtaggc	2477
ggtgctacag agttcttgaa gtgggtggcct aactacggct aactagaag gacagtattt	2537
ggtatctgcg ctctgctgaa gccagttacc ttcggaaaaa gagttggtag ctcttgatcc	2597
ggcaaaaaaa ccaccgctgg tagcgggtgt ttttttgtt gcaagcagca gattacgcgc	2657
agaaaaaaag gatctcaaga agatcctttg atcttttcta cggggtctga cgctcagtg	2717
aacgaaaact cacgttaagg gatttttggt atgagattat caaaaaggat cttcacctag	2777
atccttttaa attaaaaatg aagtttttaa tcaatctaaa gtatatatga gtaaacttg	2837
tctgacagtt accaatgctt aatcagtgag gcacctatct cagcgatctg tctatttcgt	2897
tcattccatag ttgcctgact ccccgctgtg tagataacta cgatacggga gcgcttacca	2957
tctggcccca gtgctgcaat gataccgcga gaccacgct caccggctcc agatttatca	3017
gcaataaacc agccagccgg aagggccgag cgcagaagtg gtcctgcaac tttatccgcc	3077
tccatccagt ctattaattg ttgccgggaa gctagagtaa gtagtccgcc agttaatagt	3137
ttgcgcaacg ttgttgccat tgctacaggc atcgtgggtg cacgctcgtc gtttggtatg	3197
gcttcattca gctccggttc ccaacgatca aggcgagtta catgatcccc catgttggtc	3257
aaaaaagcgg ttagctcctt cggtccctcg atcgttgtca gaagtaagtt ggccgcagtg	3317
ttatcactca tggttatggc agcactgcat aattctctta ctgtcatgcc atccgtaaga	3377
tgcttttctg tgactgggtga gtactcaacc aagtcattct gagaatagtg tatgcggcga	3437
ccgagttgct cttgcccggc gtcaacacgg gataataccg cgccacatag cagaacttta	3497
aaagtgtcga tcattggaaa acgttcttcg gggcgaaaac tctcaaggat cttaccgctg	3557
ttgagatcca gttcgatgta acccactcgt gcacccaact gatcttcagc atcttttact	3617
ttcaccagcg tttctgggtg agcaaaaaca ggaaggcaaa atgccgcaaa aaagggaata	3677
agggcgacac ggaatgttg aatactcata ctcttccttt ttcaatatta ttgaagcatt	3737
tatcagggtt attgtctcat gagcggatac atatttgaat gtatttagaa aaataaaca	3797

ataggggttc cgcgcacatt tccccgaaaa gtgccacctg acgtctaaga aaccattatt	3857
atcatgacat taacctataa aaataggcgt atcacgaggc cctttcgtct tcaagaaatt	3917
cggtcgaaaa aagaaaagga gagggccaag agggagggca ttggtgacta ttgagcacgt	3977
gagtatacgt gattaagcac acaaaggcag cttggagtat gtctgttatt aatttcacag	4037
gtagttcttg tccattggtg aaagtttgcg gcttcgagag cacagaggcc gcagaatgtg	4097
ctctagattc cgatgctgac ttgctgggta ttatatgtgt gcccaataga aagagaacaa	4157
ttgacccggg tattgcaagg aaaatttcaa gtcttgtaaa agcatataaa aatagttcag	4217
gcactccgaa atacttggtt ggcgtgtttc gtaatcaacc taaggaggat gttttggctc	4277
tggatcaatga ttacggcatt gatatcgccc aactgcacgg agatgagtcg tggcaagaat	4337
accaagagtt ctcgggtttg ccagttatta aaagactcgt atttccaaaa gactgcaaca	4397
tactactcag tgcagcttca cagaaacctc attcgtttat tcccttgttt gattcagaag	4457
caggtggggac aggtgaactt ttggattgga actcgatttc tgactgggtt ggaaggcaag	4517
agagccccga gagcttacat tttatgttag ctggtggact gacgccagaa aatgttggtg	4577
atgcgcttag attaaatggc gttattggtg ttgatgtaag cggagggtgtg gagacaaatg	4637
gtgtaaaaaga ctctaacaaa atagcaaatt tcgtcaaaaa tgctaagaaa taggttatta	4697
ctgagtagta tttatttaag tattgtttgt gcacttgccc tagcttatcg atgataagct	4757
gtcaaagatg agaattaatt ccacggacta tagactatac tagatactcc gtctactgta	4817
cgatacactt ccgctcaggt ccttgtcctt taacgaggcc ttaccactct tttgttactc	4877
tattgatcca gtcagcaaa ggcagtgtga tctaagattc tatcttcgcg atgtagtaaa	4937
actagctaga ccgagaaaaga gactagaaat gcaaaaggca cttctacaat ggctgccatc	4997
attattatcc gatgtgacgc tgcagcttct caatgatatt cgaatacgtt ttgaggagat	5057
acagccta atccgacaaa ctgttttaca gatttacgat cgtacttggt acccatcatt	5117
gaattttgaa catccgaacc tgggagtttt ccctgaaaca gatagtatat ttgaacctgt	5177
ataataatat atagtctagc gctttacgga agacaatgta tgtatttcgg ttctggaga	5237
aactattgca tctattgcat aggtaatctt gcacgtcgca tccccgggtc attttctgcg	5297
tttccatctt gcacttcaat agcatatctt tgttaacgaa gcatctgtgc ttcatthtgt	5357
agaacaaaaa tgcaacgcga gagcgctaatt ttttcaaaca aagaatctga gctgcatttt	5417
tacagaacag aaatgcaacg cgaaagcgct attttacc aaagaatct gtgcttcatt	5477
tttgtaaaac aaaaatgcaa cgcgacgaga gcgctaattt ttcaaacaaa gaatctgagc	5537
tgcattttta cagaacagaa atgcaacgcg agagcgctat tttaccaaca aagaatctat	5597
acttcttttt tgttctacaa aaatgcatcc cgagagcgct atttttctaa caaagcatct	5657
tagattactt tttttctcct ttgtgcgctc tataatgcag tctcttgata actttttgca	5717
ctgtagggtc gttaagggtta gaagaaggct actttgggtg ctattttctc ttccataaaa	5777
aaagcctgac tccacttccc gcgtttactg attactagcg aagctgcggg tgcatttttt	5837

caagataaag gcatccccga ttatatctta taccgatgtg gattgcgcat actttgtgaa 5897
 cagaaagtga tagcggtgat gattcttcat tggtcagaaa attatgaacg gtttcttcta 5957
 ttttgtctct atatactacg tataggaaat gtttacattt tcgtattggt ttcgattcac 6017
 tctatgaata gttcttacta caattttttt gtctaaagag taatactaga gataaacata 6077
 aaaaatgtag aggtcgagtt tagatgcaag ttcaaggagc gaaaggtgga tgggtagggt 6137
 atatagggat atagcacaga gatatatagc aaagagatac ttttgagcaa tgtttgtgga 6197
 agcggatttc gcaatgggaa gctccacccc gggtgataat cagaaaagcc ccaaaaacag 6257
 gaagattgta taagcaaata tttaaattgt aaacgttaat attttggtta aattcgcggt 6317
 aaatttttgt taaatcagct cattttttta cgaatagccc gaaatcggca aaatccctta 6377
 taaatcaaaa gaatagaccg agatagggtt gagtgttgtt ccagtttcca acaagagtcc 6437
 actattaaag aacgtggact ccaacgtcaa agggcgaaaa aggggtctatc agggcgatgg 6497
 cccactacgt gaaccatcac cctaatacaag ttttttgggg tcgaggtgcc gtaaagcagt 6557
 aaatcggaag ggtaaacgga tgcccccatt tagagcttga cggggaaagc cggcgaacgt 6617
 ggcgagaaaag gaagggaaga aagcgaaagg agcgggggct agggcggtgg gaagtgtagg 6677
 ggtcacgctg ggcgtaacca ccacaccgc cgcgcttaat ggggcgctac agggcgcggtg 6737
 gggatgatcc actagt 6753

<210> 56
 <211> 295
 <212> PRT
 <213> Oncorhynchus mykiss

<400> 56

Met Glu Thr Phe Asn Tyr Lys Leu Asn Met Tyr Ile Asp Ser Trp Met
 1 5 10 15

Gly Pro Arg Asp Glu Arg Val Gln Gly Trp Leu Leu Leu Asp Asn Tyr
 20 25 30

Pro Pro Thr Phe Ala Leu Thr Val Met Tyr Leu Leu Ile Val Trp Met
 35 40 45

Gly Pro Lys Tyr Met Arg His Arg Gln Pro Val Ser Cys Arg Gly Leu
 50 55 60

Leu Leu Val Tyr Asn Leu Gly Leu Thr Ile Leu Ser Phe Tyr Met Phe
 65 70 75 80

Tyr Glu Met Val Ser Ala Val Trp His Gly Asp Tyr Asn Phe Phe Cys
 85 90 95

Gln Asp Thr His Ser Ala Gly Glu Thr Asp Thr Lys Ile Ile Asn Val
 100 105 110

Leu Trp Trp Tyr Tyr Phe Ser Lys Leu Ile Glu Phe Met Asp Thr Phe
 115 120 125

Phe Phe Ile Leu Arg Lys Asn Asn His Gln Ile Thr Phe Leu His Ile
 130 135 140

Tyr His His Ala Ser Met Leu Asn Ile Trp Trp Phe Val Met Asn Trp
 145 150 155 160

Val Pro Cys Gly His Ser Tyr Phe Gly Ala Ser Leu Asn Ser Phe Ile
 165 170 175

His Val Leu Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Val Pro Ala Leu
 180 185 190

Arg Pro Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Gln Val Gln Leu Ile
 195 200 205

Gln Phe Phe Leu Thr Met Ser Gln Thr Ile Cys Ala Val Ile Trp Pro
 210 215 220

Cys Asp Phe Pro Arg Gly Trp Leu Tyr Phe Gln Ile Phe Tyr Val Ile
 225 230 235 240

Thr Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Ile Gln Thr Tyr Lys Lys
 245 250 255

His Leu Val Ser Gln Lys Lys Glu Tyr His Gln Asn Gly Ser Val Ala
 260 265 270

Ser Leu Asn Gly His Val Asn Gly Val Thr Pro Thr Glu Thr Ile Thr
 275 280 285

His Arg Lys Val Arg Gly Asp
 290 295

<210> 57
 <211> 6645
 <212> DNA
 <213> Oncorhynchus mykiss

<220>
 <221> CDS
 <222> (513)..(1304)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 57
 acggattaga agccgccgag cgggtgacag ccctccgaag gaagactctc ctccgtgcgt 60
 cctcgtcctc accggtcgcg ttcctgaaac gcagatgtgc ctgcgcgcgc actgctccga 120
 acaataaaga ttctacaata ctagctttta tggttatgaa gaggaataat tggcagtaac 180
 ctggccccac aaaccttcaa atgaacgaat caaattaaca accataggat gataatgcga 240

ttagtttttt agccttattt ctggggtaat taatcagcga agcgatgatt tttgatctat	300
taacagatat ataatgcaa aaactgcatt aaccacttta actaatactt tcaacatttt	360
cggtttgtat tacttcttat tcaaatgtaa taaaagtatc aacaaaaaat tgттаatata	420
cctctatact ttaacgtcaa ggagaaaaaa ccccgatcg gactactagc agctgtaata	480
cgactcacta tagggaatat taagcttaca ta atg gct tca aca tgg caa agc	533
Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser	
1 5	
ggt cag tcc atg cgc cag tgg att tta gag aat gga gat aaa agg aca	581
Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr	
10 15 20	
gac cca tgg cta ctg gtc tac tcc cct atg cca gtg gcc att ata ttc	629
Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro Met Pro Val Ala Ile Ile Phe	
25 30 35	
ctc ctc tat ctt ggt gtg gtc tgg gct ggg ccc aag ctg atg aaa cgc	677
Leu Leu Tyr Leu Gly Val Trp Ala Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg	
40 45 50 55	
agg gaa cca gtt gat ctc aag gct gta ctc att gtc tac aac ttc gcc	725
Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala	
60 65 70	
atg gtc tgc ctg tct gtc tac atg ttc cat gag ttc ttg gtc acg tcc	773
Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe His Glu Phe Leu Val Thr Ser	
75 80 85	
ttg ctg tct aac tac agt tac ctg tgt caa cct gtg gat tac agc act	821
Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr	
90 95 100	
agt cca ctg gcg atg agg atg gcc aaa gta tgc tgg tgg ttt ttc ttc	869
Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe	
105 110 115	
tcc aag gtc ata gaa ttg gct gac acg gtg ttc ttc atc ctg agg aag	917
Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys	
120 125 130 135	
aag aac agt cag ctg act ttc ctg cat gtc tat cac cat ggc acc atg	965
Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His Val Tyr His His Gly Thr Met	
140 145 150	
atc ttc aac tgg tgg gca ggg gtc aag tat ctg gct gga ggc caa tgc	1013
Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser	
155 160 165	
ttc ttc atc ggc ctg ctc aat acc ttt gtg cac atc gtg atg tac tct	1061
Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe Val His Ile Val Met Tyr Ser	
170 175 180	
tac tac gga ctg gct gcc ctg ggg cct cac acg cag aag tac tta tgg	1109
Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp	
185 190 195	
tgg aag cgc tat ctg acc tca ctg cag ctg ctc cag ttt gtc ctg ttg	1157
Trp Lys Arg Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Gln Phe Val Leu Leu	
200 205 210 215	
acc act cac act ggc tac aac ctc ttc act gag tgt gac ttc ccg gac	1205
Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp	
220 225 230	

tcc atg aac gct gtg gtg ttt gcc tac tgt gtc agt ctc att gct ctc 1253
 Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu
 235 240 245

ttc agc aac ttc tac tat cag agc tac ctc aac agg aag agc aag aag 1301
 Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys
 250 255 260

aca taaggatcca ctagtaacgg ccgccagtgt gctggaattc tgcagatata 1354
 Thr

catcacactg gcggccgctc gagcatgcat ctagagggec gcatcatgta attagttatg 1414
 tcacgcttac attcacgccc tccccccaca tccgctctaa ccgaaaagga aggagttaga 1474
 caacctgaag tctaggtccc tatttatattt tttatagtta tgtagtatt aagaacgtta 1534
 tttatatattc aaattttttct tttttttctg tacagacgcg tgtacgcatg taacattata 1594
 ctgaaaacct tgcttgagaa ggttttgga cgctcgaagg cttaatttg cgccctgca 1654
 ttaatgaatc ggccaacgcg cggggagagg cggtttgct attgggctt cttccgcttc 1714
 ctgctcact gactcgctgc gctcggtcgt tcggctgagg cgagcggat cagctcactc 1774
 aaaggcggtta atacggttat ccacagaatc aggggataac gcaggaaaga acatgtgagc 1834
 aaaaggccag caaaagccca ggaaccgtta aaaggccgcg ttgctggcgt tttccatag 1894
 gctccgcccc cctgacgagc atcacaaaaa tcgacgtca agtcagagg ggcgaaacc 1954
 gacaggacta taaagatacc aggcgtttcc ccttgaagc tccctcgtgc gctctcctgt 2014
 tccgaccctg ccgcttaccg gatacctgtc cgctttctc ccttcgggaa gcgtggcgt 2074
 ttctcatagc tcacgctgta ggtatctcag ttcggtgtag gtcgttcgct ccaagctggg 2134
 ctgtgtgcac gaaccccccg ttcagccga ccgctgcgcc ttatccggtta actatcgtct 2194
 tgagtccaac ccggttaagc acgacttata gccactggca gcagccactg gtaacaggat 2254
 tagcagagcg aggtatgtag gcggtgctac agagtctctg aagtgggtggc ctaactacgg 2314
 ctacactaga aggacagtat ttggtatctg cgctctgctg aagccagtta ccttcggaaa 2374
 aagagttggt agctcttgat ccggcaaaaca aaccaccgct ggtagcggtg gtttttttgt 2434
 ttgcaagcag cagattacgc gcagaaaaaa aggatctcaa gaagatcctt tgatcttttc 2494
 tacggggtct gacgtcagt ggaacgaaaa ctcacgttaa gggatttttg tcatgagatt 2554
 atcaaaaagg atcttcacct agatcctttt aaattaaaaa tgaagtttta aatcaatcta 2614
 aagtatatat gagtaaaactt ggtctgacag ttaccaatgc ttaatcagtg aggcacctat 2674
 ctacgcatc tgtctatttc gttcatccat agttgcctga cccccgctg ttagataaac 2734
 tacgatacgg gagcgcttac catctggccc cagtgtgca atgataccgc gagaccacg 2794
 ctacccggct ccagatttat cagcaataaa ccagccagcc ggaagggcgg agcgcagaag 2854
 tggctcctgca actttatccg cctccattca gtctattaat tgttgccggg aagctagagt 2914
 aagtagttcg ccagtttaata gtttgcgcaa cgttgttggc attgctacag gcatcgtggt 2974
 gtcactctcg tcgttttggt tggcttcatt cagctccggt tcccaacgat caaggcgagt 3034

tacatgatcc cccatgttgt gcaaaaaagc ggtagctcc ttcggtcctc cgatcgttgt	3094
cagaagtaag ttggccgcag tgttatcact catggttatg gcagcactgc ataattctct	3154
tactgtcatg ccatccgtaa gatgcttttc tgtgactggg gagtactcaa ccaagtcatt	3214
ctgagaatag tgtatgcggc gaccgagttg ctcttgcccg gcgtcaatac gggataatag	3274
tgtatcacat agcagaactt taaaagtgtc catcattgga aaacgttctt cggggcgaaa	3334
actctcaagg atcttaccgc tgttgagatc cagttcgatg taaccactc gtgcacccaa	3394
ctgatcttca gcatctttta ctttcaccag cgtttctggg tgagcaaaaa caggaaggca	3454
aaatgccgca aaaaagggaa taagggcgac acggaaatgt tgaatactca tactcttcct	3514
ttttcaatgg gtaataactg atataattaa attgaagctc taatttgtga gtttagtata	3574
catgcattta cttataatac agtttttttag ttttgcggc cgcattctct caaatatgct	3634
tcccagcctg cttttctgta acgttcaccc tctaccttag catcccttcc ctttgcaa	3694
agtctctctc caacaataat aatgtcagat cctgtagaga ccacatcatc cacggttcta	3754
tactgttgac ccaatgcgtc tcccttgta tctaaacca caccgggtgt cataatcaac	3814
caatcgtaac cttcatctct tccaccatg tctctttgag caataaagcc gataacaaaa	3874
tctttgtcgc tcttcgcaat gtcaacagta cccttagtat attctccagt agatagggag	3934
cccttgcattg acaattctgc taacatcaaa aggcctctag gttcctttgt tacttctct	3994
gcgcctgct tcaaaccgct aacaatacct gggcccacca caccgtgtgc attcgtaatg	4054
tctgcccatt ctgctattct gtatacacc gcagagtact gcaatttgac tgtattacca	4114
atgtcagcaa attttctgtc ttcgaagagt aaaaaattgt acttggcgga taatgccttt	4174
agcggcttaa ctgtgccctc catggaaaaa tcagtcaaga tatccacatg tgtttttagt	4234
aaacaaattt tgggacctaa tgcttcaact aactccagta attccttggg ggtacgaaca	4294
tccaatgaag cacacaagtt tgtttgcttt tctgtcatga tattaatatg cttggcagca	4354
acaggactag gatgagtagc agcacgttcc ttatatgtag ctttcgacat gatttatctt	4414
cgtttcctgc aggtttttgt tctgtgcagt tgggttaaga atactgggca atttcatggt	4474
tcttcaacac tacatatgcg tatatatacc aatctaagtc tgtgtcctt ccttcgttct	4534
tccttctgtt cggagattac cgaatcaaaa aaatttcaaa gaaaccgaaa tcaaaaaaaa	4594
gaataaaaaa aaaatgatga attgaattga aaagctagct tatcgatgat aagctgtcaa	4654
agatgagaat taattccacg gactatagac tatactagat actccgtcta ctgtacgata	4714
cacttccgct caggctcctg tcctttaacg aggccttacc actcttttgt tactctattg	4774
atccagctca gcaaaggcag tgtgatctaa gattctatct tcgcgatgta gtaaaactag	4834
ctagaccgag aaagagacta gaaatgcaaa aggcacttct acaatggctg ccatcattat	4894
tatccgatgt gacgtgcag cttctcaatg atattcgaat acgctttgag gagatacagc	4954
ctaatatccg acaaactggt ttacagattt acgatcgta ttgttacctc tcattgaatt	5014
ttgaacatcc gaacctggga gttttccctg aaacagatag tatatttgaa cctgtataat	5074

```

aatatatagt ctacgcgttt acggaagaca atgtatgtat ttcggttcct ggagaaacta 5134
ttgcatctat tgcataaggta atcttgcacg tcgcatcccc ggttcatttt ctgcgtttcc 5194
atcttgcact tcaatagcat atctttgtta acgaagcacc tgtgcttcat ttgtagaac 5254
aaaaatgcaa cgcgagagcg ctaatttttc aaacaaagaa tctgagctgc atttttacag 5314
aacagaaatg caacgcgaaa gcgctatttt accaacgaag aatctgtgct tcatttttgt 5374
aaaacaaaaa tgcaacgcga cgagagcgct aatttttcaa acaaagaatc tgagctgcat 5434
ttttacagaa cagaaatgca acgcgagagc gctattttac caacaaagaa tctatacttc 5494
ttttttgttc tacaaaaatg catcccgaga gcgctatttt tctaacaaag catcttagat 5554
tacttttttt ctctttgtg cgctctataa tgcagtctct tgataacttt ttgcactgta 5614
gggtccgttaa ggtagaaga aggctacttt ggtgtctatt ttctcttcca taaaaaagc 5674
ctgactccac ttcccgcgtt tactgattac tagcgaagct gcgggtgcat tttttcaaga 5734
taaaggcatc cccgattata ttctataccg atgtggattg cgcatacttt gtgaacagaa 5794
agtgatagcg ttgatgatc ttcatgggtc agaaaattat gaacggtttc ttctattttg 5854
tctctatata ctacgtatag gaaatgttta cattttcgta ttgttttcga ttcactctat 5914
gaatagtttc tactacaatt tttttgtcta aagagtaata ctagagataa acataaaaaa 5974
tgtagaggtc gagtttagat gcaagttcaa ggagcgaaaag gtggatgggt aggttatata 6034
gggatatagc acagagatat atagcaaaga gatacttttg agcaatgttt gtggaagcgg 6094
tattcgcaat ggaagctcc accccggttg ataatacagaa aagccccaaa aacaggaaga 6154
ttgtataagc aaatatttaa attgtaaacg ttaatatatt gttaaaattc gcgttaaatt 6214
tttggtaaat cagctcattt tttaacgaat agcccgaaat cggcaaaaac ccttataaat 6274
caaaagaata gaccgagata gggttgagtg ttgttccagt ttccaacaag agtccactat 6334
taaagaacgt ggactccaac gtcaaagggc gaaaaagggc ctatcagggc gatggcccac 6394
tacgtgaacc atcacctaa tcaagttttt tggggctgag gtgccgtaaa gcagtaaata 6454
ggaagggtaa acggatgcc ccatttagag cttgacgggg aaagccggcg aacgtggcga 6514
gaaaggaagg gaagaaagcg aaaggagcgg gggctagggc ggtgggaagt gtaggggtca 6574
cgctgggcgt aaccaccaca cccgccgcgc ttaatggggc gctacagggc gcgtggggat 6634
gatccactag t 6645

```

<210> 58
 <211> 264
 <212> PRT
 <213> Oncorhynchus mykiss

<400> 58

Met Ala Ser Thr Trp Gln Ser Val Gln Ser Met Arg Gln Trp Ile Leu
 1 5 10 15

Glu Asn Gly Asp Lys Arg Thr Asp Pro Trp Leu Leu Val Tyr Ser Pro
 20 25 30

Met Pro Val Ala Ile Ile Phe Leu Leu Tyr Leu Gly Val Val Trp Ala
 35 40 45

Gly Pro Lys Leu Met Lys Arg Arg Glu Pro Val Asp Leu Lys Ala Val
 50 55 60

Leu Ile Val Tyr Asn Phe Ala Met Val Cys Leu Ser Val Tyr Met Phe
 65 70 75 80

His Glu Phe Leu Val Thr Ser Leu Leu Ser Asn Tyr Ser Tyr Leu Cys
 85 90 95

Gln Pro Val Asp Tyr Ser Thr Ser Pro Leu Ala Met Arg Met Ala Lys
 100 105 110

Val Cys Trp Trp Phe Phe Phe Ser Lys Val Ile Glu Leu Ala Asp Thr
 115 120 125

Val Phe Phe Ile Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Leu Thr Phe Leu His
 130 135 140

Val Tyr His His Gly Thr Met Ile Phe Asn Trp Trp Ala Gly Val Lys
 145 150 155 160

Tyr Leu Ala Gly Gly Gln Ser Phe Phe Ile Gly Leu Leu Asn Thr Phe
 165 170 175

Val His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ala Ala Leu Gly Pro
 180 185 190

His Thr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Arg Tyr Leu Thr Ser Leu Gln
 195 200 205

Leu Leu Gln Phe Val Leu Leu Thr Thr His Thr Gly Tyr Asn Leu Phe
 210 215 220

Thr Glu Cys Asp Phe Pro Asp Ser Met Asn Ala Val Val Phe Ala Tyr
 225 230 235 240

Cys Val Ser Leu Ile Ala Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Tyr Gln Ser Tyr
 245 250 255

Leu Asn Arg Lys Ser Lys Lys Thr
 260

<210> 59
 <211> 1077
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>

<221> CDS
 <222> (1)..(1077)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 59
 atg tgc tca tca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca 48
 Met Cys Ser Ser Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
 1 5 10 15

cgg tac acc acc gcc gcc ctc ctc ctc ctc acc ctc aca aca tgg tgc 96
 Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
 20 25 30

cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc ggc ctc acc gcc gaa 144
 His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
 35 40 45

atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg 192
 Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
 50 55 60

agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag 240
 Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
 65 70 75 80

tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg 288
 Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
 85 90 95

gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg 336
 Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
 100 105 110

gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg 384
 Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
 115 120 125

gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt 432
 Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
 130 135 140

gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg 480
 Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
 145 150 155 160

aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata 528
 Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
 165 170 175

gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att 576
 Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
 180 185 190

tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc 624
 Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
 195 200 205

tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac 672
 Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
 210 215 220

ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg 720
 Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
 225 230 235 240

ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat 768
 Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp

	245	250	255	
	gag aca cag cct agt tta gga acg tat	tat ttc tgt tgt gga gtg cag		816
	Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr	Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln		
	260	265	270	
	gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa		864	
	Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys			
	275	280	285	
	cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag		912	
	Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys			
	290	295	300	
	aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat		960	
	Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp			
	305	310	315	320
	ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct		1008	
	Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala			
	325	330	335	
	gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act		1056	
	Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr			
	340	345	350	
	cgt gtt act ggt gcc atg tag		1077	
	Arg Val Thr Gly Ala Met			
	355			

<210> 60

<211> 358

<212> PRT

<213> Thalassiosira pseudonana

<400> 60

Met Cys Ser Ser Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1 5 10 15

Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
20 25 30

His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
35 40 45

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
50 55 60

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
65 70 75 80

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
85 90 95

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
100 105 110

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
115 120 125

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
 130 135 140

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
 145 150 155 160

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
 165 170 175

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
 180 185 190

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
 195 200 205

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
 210 215 220

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
 225 230 235 240

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
 245 250 255

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
 260 265 270

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
 275 280 285

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
 290 295 300

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
 305 310 315 320

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
 325 330 335

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
 340 345 350

Arg Val Thr Gly Ala Met
 355

<210> 61
 <211> 933
 <212> DNA
 <213> Thalassiosira pseudonana

<220>

<221> CDS
 <222> (1)..(933)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 61
 atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg 48
 Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
 1 5 10 15
 agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag 96
 Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
 20 25 30
 tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg 144
 Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
 35 40 45
 gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg 192
 Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
 50 55 60
 gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg 240
 Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
 65 70 75 80
 gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt 288
 Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
 85 90 95
 gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg 336
 Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
 100 105 110
 aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata 384
 Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
 115 120 125
 gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att 432
 Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
 130 135 140
 tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc 480
 Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
 145 150 155 160
 tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac 528
 Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
 165 170 175
 ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg 576
 Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
 180 185 190
 ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat 624
 Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
 195 200 205
 gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag 672
 Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
 210 215 220
 gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa 720
 Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
 225 230 235 240
 cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag 768
 Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys

102

245	250	255	
aat gat gat ggg aat aat gag gat	caa tgt cac aag gct atg aag gat		816
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp	Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp		
260	265	270	
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct			864
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val	Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala		
275	280	285	
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act			912
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser	Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr		
290	295	300	
cgt gtt act ggt gcc atg tag			933
Arg Val Thr Gly Ala Met			
305	310		

<210> 62
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*
 <400> 62

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1 5 10 15

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
20 25 30

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
35 40 45

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
50 55 60

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65 70 75 80

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
85 90 95

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
100 105 110

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
115 120 125

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
130 135 140

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145 150 155 160

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
165 170 175

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
 180 185 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
 195 200 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
 210 215 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
 225 230 235 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
 245 250 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
 260 265 270

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
 275 280 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
 290 295 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
 305 310

<210> 63
 <211> 933
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(933)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 63
 atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg 48
 Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
 1 5 10 15
 agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag 96
 Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
 20 25 30
 tat gat atg aag tca ctc cta acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg 144
 Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
 35 40 45
 gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg 192
 Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
 50 55 60
 gtg atg aat aga gac cat ccg ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg 240
 Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly

104

65	70	75	80	
gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt				288
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys				
	85	90	95	
gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg				336
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly				
	100	105	110	
aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata				384
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile				
	115	120	125	
gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggt gga gac att				432
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile				
	130	135	140	
tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc				480
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser				
	145	150	155	160
tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac				528
Tyr Tyr Ala Leu Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr				
	165	170	175	
ctg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg				576
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr				
	180	185	190	
ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat				624
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Thr Lys His Gly Ala Asp				
	195	200	205	
gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag				672
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln				
	210	215	220	
gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa				720
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys				
	225	230	235	240
cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag				768
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys				
	245	250	255	
aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat				816
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp				
	260	265	270	
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct				864
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala				
	275	280	285	
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act				912
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr				
	290	295	300	
cgt gtt act ggt gcc atg tag				933
Arg Val Thr Gly Ala Met				
	305	310		

<210> 64
 <211> 310
 <212> PRT
 <213> Thalassiosira pseudonana

<400> 64

Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu
1 5 10 15

Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys
20 25 30

Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val
35 40 45

Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala
50 55 60

Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly
65 70 75 80

Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys
85 90 95

Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly
100 105 110

Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile
115 120 125

Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile
130 135 140

Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser
145 150 155 160

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
165 170 175

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
180 185 190

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
195 200 205

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
210 215 220

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
225 230 235 240

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
245 250 255

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
260 265 270

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
275 280 285

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
290 295 300

Arg Val Thr Gly Ala Met
305 310

<210> 65
<211> 825
<212> DNA
<213> Thraustochytrium aureum

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(825)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 65
atg acg agc aac atg agc gcg tgg ggc gtc gcc gtc gac cag acg cag 48
Met Thr Ser Asn Met Ser Ala Trp Gly Val Ala Val Asp Gln Thr Gln
1 5 10 15
cag gtc gtc gac cag atc atg ggc ggc gcc gag ccg tac aag ctg aca 96
Gln Val Val Asp Gln Ile Met Gly Gly Ala Glu Pro Tyr Lys Leu Thr
20 25 30
gaa ggg cgc atg acg aac gtc gag acg atg ctg gcg atc gag tgc ggc 144
Glu Gly Arg Met Thr Asn Val Glu Thr Met Leu Ala Ile Glu Cys Gly
35 40 45
tac gcc gcc atg ctg ctg ttc ctg acc ccg atc atg aag cag gcc gag 192
Tyr Ala Ala Met Leu Leu Phe Leu Thr Pro Ile Met Lys Gln Ala Glu
50 55 60
aag ccc ttc gag ctc aag tcc ttc aag ctc gcc cac aac ctg ttc ctg 240
Lys Pro Phe Glu Leu Lys Ser Phe Lys Leu Ala His Asn Leu Phe Leu
65 70 75 80
ttc gtc ctg tcc gcc tac atg tgc ctc gag acc gtc cgc cag gcc tac 288
Phe Val Leu Ser Ala Tyr Met Cys Leu Glu Thr Val Arg Gln Ala Tyr
85 90 95
ctt gcg ggc tac tcg gtg ttc ggc aac gac atg gag aag ggc agc gag 336
Leu Ala Gly Tyr Ser Val Phe Gly Asn Asp Met Glu Lys Gly Ser Glu
100 105 110
ccg cac gcg cac ggc atg gcc caa atc gtg tgg atc ttt tac gtg tcc 384
Pro His Ala His Gly Met Ala Gln Ile Val Trp Ile Phe Tyr Val Ser
115 120 125
aag gcg tac gag ttc gtg gac acg ctg atc atg atc ctg tgc aaa aag 432
Lys Ala Tyr Glu Phe Val Asp Thr Leu Ile Met Ile Leu Cys Lys Lys
130 135 140
ttc aac cag gtc tcc gtc ctg cac gtg tac cac cac gcc acc atc ttt 480
Phe Asn Gln Val Ser Val Leu His Val Tyr His His Ala Thr Ile Phe
145 150 155 160
gct atc tgg ttt atg atc gcc aag tac gcc ccg ggc ggc gac gca tac 528
Ala Ile Trp Phe Met Ile Ala Lys Tyr Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr

165	170	175	
ttt agc gtc atc ctg aac tcg ttc gtg cac acc gtc atg tac gcg tac			576
Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr			
180	185	190	
tac ttc ttc tcg tcg cag ggc ttc ggg ttc gtc aag ccg atc aag ccg			624
Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro			
195	200	205	
tac atc acc tcg ctg cag atg acg cag ttc atg gcg atg ctc gtg cag			672
Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln			
210	215	220	
tcg ctg tac gac tac ctt tac ccg tgc gac tac ccg cag ggg ctc gtc			720
Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val			
225	230	235	240
aag ctc ctc ggc gtg tac atg ctc acc ctg ctt gcg ctc ttc ggc aac			768
Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn			
245	250	255	
ttt ttc gtg cag agc tac ctc aag aag tcg aac aag ccc aag gcc aag			816
Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys			
260	265	270	
tcg gcc taa			825
Ser Ala			

<210> 66

<211> 274

<212> PRT

<213> Thraustochytrium aureum

<400> 66

Met Thr Ser Asn Met Ser Ala Trp Gly Val Ala Val Asp Gln Thr Gln
1 5 10 15

Gln Val Val Asp Gln Ile Met Gly Gly Ala Glu Pro Tyr Lys Leu Thr
20 25 30

Glu Gly Arg Met Thr Asn Val Glu Thr Met Leu Ala Ile Glu Cys Gly
35 40 45

Tyr Ala Ala Met Leu Leu Phe Leu Thr Pro Ile Met Lys Gln Ala Glu
50 55 60

Lys Pro Phe Glu Leu Lys Ser Phe Lys Leu Ala His Asn Leu Phe Leu
65 70 75 80

Phe Val Leu Ser Ala Tyr Met Cys Leu Glu Thr Val Arg Gln Ala Tyr
85 90 95

Leu Ala Gly Tyr Ser Val Phe Gly Asn Asp Met Glu Lys Gly Ser Glu
100 105 110

Pro His Ala His Gly Met Ala Gln Ile Val Trp Ile Phe Tyr Val Ser
115 120 125

Lys Ala Tyr Glu Phe Val Asp Thr Leu Ile Met Ile Leu Cys Lys Lys
 130 135 140

Phe Asn Gln Val Ser Val Leu His Val Tyr His His Ala Thr Ile Phe
 145 150 155 160

Ala Ile Trp Phe Met Ile Ala Lys Tyr Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr
 165 170 175

Phe Ser Val Ile Leu Asn Ser Phe Val His Thr Val Met Tyr Ala Tyr
 180 185 190

Tyr Phe Phe Ser Ser Gln Gly Phe Gly Phe Val Lys Pro Ile Lys Pro
 195 200 205

Tyr Ile Thr Ser Leu Gln Met Thr Gln Phe Met Ala Met Leu Val Gln
 210 215 220

Ser Leu Tyr Asp Tyr Leu Tyr Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Gly Leu Val
 225 230 235 240

Lys Leu Leu Gly Val Tyr Met Leu Thr Leu Leu Ala Leu Phe Gly Asn
 245 250 255

Phe Phe Val Gln Ser Tyr Leu Lys Lys Ser Asn Lys Pro Lys Ala Lys
 260 265 270

Ser Ala

<210> 67
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(903)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 67
 atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac 48
 Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
 1 5 10 15
 gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc 96
 Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30
 atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg 144
 Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45
 ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga 192
 Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly

50	55	60	
ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg			240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met			
65	70	75	80
ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg			288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly			
	85	90	95
atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca			336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser			
	100	105	110
acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg			384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val			
	115	120	125
tgg ttg cac tac aac aac caa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc			432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe			
	130	135	140
atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat			480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr			
	145	150	155
cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg			528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met			
	165	170	175
gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg			576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser			
	180	185	190
ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc			624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly			
	195	200	205
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa			672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln			
	210	215	220
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac			720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
	225	230	235
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg			768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
	245	250	255
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg			816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
	260	265	270
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg			864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
	275	280	285
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa			903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
	290	295	300

<210> 68

<211> 300

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 68

Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
1 5 10 15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
20 25 30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
35 40 45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
50 55 60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65 70 75 80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
85 90 95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
100 105 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
115 120 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
130 135 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145 150 155 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
165 170 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
180 185 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
195 200 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
210 215 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225 230 235 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
245 250 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
260 265 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
 275 280 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
 290 295 300

<210> 69
 <211> 879
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(879)
 <223> Delta-6-Elongase

<400> 69
 atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag 48
 Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
 1 5 10 15
 tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt 96
 Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
 20 25 30
 cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tgc agt acg gcg cat tta ccc gcc 144
 Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
 35 40 45
 att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc 192
 Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
 50 55 60
 aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa 240
 Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
 65 70 75 80
 att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg 288
 Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
 85 90 95
 ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa 336
 Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
 100 105 110
 gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg 384
 Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
 115 120 125
 gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata 432
 Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
 130 135 140
 tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg 480
 Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
 145 150 155 160
 caa gta agt ttc cta cac att tat cac cac agc acg att tcc ttt att 528
 Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
 165 170 175
 tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt ggt gat gct tac ttc agc 576
 Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser

180	185	190	
gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta			624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu			
195	200	205	
tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt			672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu			
210	215	220	
tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc			720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe			
225	230	235	240
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tgc ttc tct acg tat ccc aag			768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys			
	245	250	255
ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc ggc ttg			816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu			
	260	265	270
ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag			864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln			
	275	280	285
aaa aaa cag cag tga			879
Lys Lys Gln Gln			
290			

<210> 70

<211> 292

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 70

Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1 5 10 15

Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
20 25 30

Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
35 40 45

Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
50 55 60

Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65 70 75 80

Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
85 90 95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
100 105 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
115 120 125

Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
 130 135 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
 145 150 155 160

Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
 165 170 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
 180 185 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
 195 200 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
 210 215 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
 225 230 235 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
 245 250 255

Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
 260 265 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
 275 280 285

Lys Lys Gln Gln
 290

<210> 71
 <211> 1362
 <212> DNA
 <213> *Primula farinosa*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1362)
 <223> Delta-6-Desaturase

<400> 71
 atg gct aac aaa tct cca cca aac ccc aaa aca ggt tac ata acc agc 48
 Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
 1 5 10 15
 tca gac ctg aaa tcc cac aac aag gca ggt gac cta tgg ata tca atc 96
 Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
 20 25 30
 cac ggc caa gtc tac gac gtg tcc tct tgg gcc gcc ctt cat ccg ggg 144
 His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly

35	40	45	
ggc act gcc cct ctc atg gcc ctt gca gga cac gac gtg acc gat gct			192
Gly Thr Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala			
50	55	60	
ttc ctc gcg tac cat ccc cct tcc act gcc cgt ctc ctc cct cct ctc			240
Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu			
65	70	75	80
tct acc aac ctc ctt ctt caa aac cac tcc gtc tcc ccc acc tcc tca			288
Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser			
85	90	95	
gac tac cgc aaa ctc ctc gac aac ttc cat aaa cat ggc ctt ttc cgc			336
Asp Tyr Arg Lys Leu Leu Asp Asn Phe His Lys His Gly Leu Phe Arg			
100	105	110	
gcc agg ggc cac act gct tac gcc acc ttc gtc ttc atg ata gcg atg			384
Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Phe Met Ile Ala Met			
115	120	125	
ttt cta atg agc gtg act gga gtc ctt tgc agc gac agt gcg tgg gtc			432
Phe Leu Met Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val			
130	135	140	
cat ttg gct agc ggc gga gca atg ggg ttc gcc tgg atc caa tgc gga			480
His Leu Ala Ser Gly Gly Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly			
145	150	155	160
tgg ata ggt cac gac tct ggg cat tac cgg att atg tct gac agg aaa			528
Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys			
165	170	175	
tgg aac tgg ttc gcg caa atc cta agc aca aac tgc ctc cag ggg att			576
Trp Asn Trp Phe Ala Gln Ile Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile			
180	185	190	
agt atc ggg tgg tgg aag tgg aac cat aat gcg cac cac atc gct tgc			624
Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys			
195	200	205	
aat agc ctg gat tac gac ccc gac ctc cag tat atc cct ttg ctc gtc			672
Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val			
210	215	220	
gtc tcc ccc aag ttc ttc aac tcc ctt act tct cgt ttc tac gac aag			720
Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys			
225	230	235	240
aag ctg aac ttc gac ggc gtg tgg agg ttt ctg gtt tgc tac cag cac			768
Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His			
245	250	255	
tgg acg ttt tat ccg gtc atg tgt gtc gct agg ctg aac atg ctc gcg			816
Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Leu Ala			
260	265	270	
cag tca ttt ata acg ctt ttc tgg agt agg gag gtg tgc cat agg gcg			864
Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Cys His Arg Ala			
275	280	285	
caa gag gtt ttc gga ctt gcc gtg ttt tgg gtt tgg ttt ccg ctt tta			912
Gln Glu Val Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu			
290	295	300	
ctt tct tgt tta cct aat tgg ggc gag agg att atg ttt ttg ctt gcg			960
Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala			

115

305	310	315	320	
agc tat tcc gtt acg ggg ata caa cac gtg cag ttc agc ttg aac cat				1008
Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His				
325		330	335	
ttt tct tcg gac gtc tat gtg ggc ccg cca gta ggt aat gac tgg ttc				1056
Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Gly Asn Asp Trp Phe				
340		345	350	
aag aaa cag act gcc ggg aca ctt aac ata tcg tgc ccg gcg tgg atg				1104
Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met				
355		360	365	
gat tgg ttc cat ggc ggg tta cag ttt cag gtc gag cac cac ttg ttt				1152
Asp Trp Phe His Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe				
370		375	380	
ccg cgg atg cct agg ggt cag ttt agg aag att tct cct ttt gtg agg				1200
Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg				
385		390	395	400
gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act				1248
Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr				
405		410	415	
aaa gcg aat gtg ttt acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag				1296
Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu				
420		425	430	
gct cgg gac ctc tct aat ccg ctc cca aag aat atg gtg tgg gaa gct				1344
Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala				
435		440	445	
ctt aaa act ctc ggg tga				1362
Leu Lys Thr Leu Gly				
450				
<210> 72				
<211> 453				
<212> PRT				
<213> Primula farinosa				
<400> 72				
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser				
1	5	10	15	
Ser Asp Leu Lys Ser His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile				
20		25	30	
His Gly Gln Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Ala Leu His Pro Gly				
35		40	45	
Gly Thr Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala				
50		55	60	
Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu				
65		70	75	80
Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser				
85		90	95	

Asp Tyr Arg Lys Leu Leu Asp Asn Phe His Lys His Gly Leu Phe Arg
 100 105 110

Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Phe Met Ile Ala Met
 115 120 125

Phe Leu Met Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
 130 135 140

His Leu Ala Ser Gly Gly Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
 145 150 155 160

Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
 165 170 175

Trp Asn Trp Phe Ala Gln Ile Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
 180 185 190

Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
 195 200 205

Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
 210 215 220

Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
 225 230 235 240

Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
 245 250 255

Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Leu Ala
 260 265 270

Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Cys His Arg Ala
 275 280 285

Gln Glu Val Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
 290 295 300

Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Gly Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
 305 310 315 320

Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
 325 330 335

Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Gly Asn Asp Trp Phe
 340 345 350

Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
 355 360 365

Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
370 375 380

Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
385 390 395 400

Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
405 410 415

Lys Ala Asn Val Phe Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
420 425 430

Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Leu Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
435 440 445

Leu Lys Thr Leu Gly
450

<210> 73
<211> 1362
<212> DNA
<213> Primula vialii

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1362)
<223> Delta-6-Desaturase

<400> 73
atg gct aac aaa tct cca cca aac ccc aaa aca ggt tac att acc agc 48
Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
1 5 10 15
tca gac ctg aaa ggg cac aac aaa gca gga gac cta tgg ata tca atc 96
Ser Asp Leu Lys Gly His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
20 25 30
cac ggg gag gta tac gac gtg tcc tcg tgg gcc ggc ctt cac ccg ggg 144
His Gly Glu Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Gly Leu His Pro Gly
35 40 45
ggc agt gcc ccc ctc atg gcc ctc gca gga cac gac gta acc gac gct 192
Gly Ser Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
50 55 60
ttt cta gcg tat cat cct cct tct acc gcc cgc ctc ctc cct ccc ctc 240
Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
65 70 75 80
tcc acc aac ctc ctc ctt caa aac cac tcc gtc tcc ccc acc tcc tct 288
Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
85 90 95
gac tac cgc aaa ctc ctc cac aac ttc cat aaa att ggt atg ttc cgc 336
Asp Tyr Arg Lys Leu Leu His Asn Phe His Lys Ile Gly Met Phe Arg
100 105 110
gcc agg ggc cac act gct tac gcc acc ttc gtc atc atg ata gtg atg 384
Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Ile Met Ile Val Met

115	120	125	
ttt cta acg agc gtg acc gga gtc ctt tgc agc gac agt gcg tgg gtc Phe Leu Thr Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val 130 135 140			432
cat ctg gct agc ggc gca gca atg ggg ttc gcc tgg atc cag tgc gga His Leu Ala Ser Gly Ala Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly 145 150 155 160			480
tgg ata ggt cac gac tct ggg cat tac cgg att atg tct gac agg aaa Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys 165 170 175			528
tgg aac tgg ttc gcg cag gtc ctg agc aca aac tgc ctc cag ggg atc Trp Asn Trp Phe Ala Gln Val Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile 180 185 190			576
agt atc ggg tgg tgg aag tgg aac cat aac gcc cac cac att gct tgc Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys 195 200 205			624
aat agc ctg gac tac gac ccc gac ctc cag tat atc cct ttg ctc gtg Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val 210 215 220			672
gtc tcc ccc aag ttc ttc aac tcc ctt act tct cgt ttc tac gac aag Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys 225 230 235 240			720
aag ctg aat ttc gac ggc gtg tca agg ttt ctg gtt tgc tac cag cac Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His 245 250 255			768
tgg acg ttt tat cca gtc atg tgt gtc gct agg cta aac atg atc gca Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Ile Ala 260 265 270			816
cag tcg ttt ata acg ctt ttc tcg agc agg gag gtg ggt cat agg gcg Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Gly His Arg Ala 275 280 285			864
caa gag att ttc gga ctt gct gtg ttt tgg gtt tgg ttt ccg ctc ctg Gln Glu Ile Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu 290 295 300			912
ctc tct tgc tta cct aat tgg agc gag agg att atg ttt ctg cta gcg Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Ser Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala 305 310 315 320			960
agc tat tcc gtt acg ggg ata cag cac gtg cag ttc agc ttg aac cat Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His 325 330 335			1008
ttt tct tcg gac gtc tac gtg ggc ccg cca gta gct aac gac tgg ttc Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Ala Asn Asp Trp Phe 340 345 350			1056
aag aaa cag act gct ggg aca ctt aac ata tcg tgc ccg gcg tgg atg Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met 355 360 365			1104
gac tgg ttc cat ggc ggg ttg cag ttt cag gtc gag cac cac ttg ttt Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe 370 375 380			1152
ccg ccg atg cct agg ggt cag ttt agg aag att tct cct ttt gtg agg Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg			1200

385 390 395 400
 gat ttg tgt aag aaa cac aac ttg cct tac aat atc gcg tct ttt act 1248
 Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
 405 410 415
 aaa gca aac gtg ttg acg ctt aag acg ctg aga aat acg gcc att gag 1296
 Lys Ala Asn Val Leu Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
 420 425 430
 gct cgg gac ctc tct aat ccg acc cca aag aat atg gtg tgg gaa gcc 1344
 Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Thr Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
 435 440 445
 gtc cac aca cac ggc tag 1362
 Val His Thr His Gly
 450

 <210> 74
 <211> 453
 <212> PRT
 <213> Primula vialii

 <400> 74
 Met Ala Asn Lys Ser Pro Pro Asn Pro Lys Thr Gly Tyr Ile Thr Ser
 1 5 10 15

 Ser Asp Leu Lys Gly His Asn Lys Ala Gly Asp Leu Trp Ile Ser Ile
 20 25 30

 His Gly Glu Val Tyr Asp Val Ser Ser Trp Ala Gly Leu His Pro Gly
 35 40 45

 Gly Ser Ala Pro Leu Met Ala Leu Ala Gly His Asp Val Thr Asp Ala
 50 55 60

 Phe Leu Ala Tyr His Pro Pro Ser Thr Ala Arg Leu Leu Pro Pro Leu
 65 70 75 80

 Ser Thr Asn Leu Leu Leu Gln Asn His Ser Val Ser Pro Thr Ser Ser
 85 90 95

 Asp Tyr Arg Lys Leu Leu His Asn Phe His Lys Ile Gly Met Phe Arg
 100 105 110

 Ala Arg Gly His Thr Ala Tyr Ala Thr Phe Val Ile Met Ile Val Met
 115 120 125

 Phe Leu Thr Ser Val Thr Gly Val Leu Cys Ser Asp Ser Ala Trp Val
 130 135 140

 His Leu Ala Ser Gly Ala Ala Met Gly Phe Ala Trp Ile Gln Cys Gly
 145 150 155 160

 Trp Ile Gly His Asp Ser Gly His Tyr Arg Ile Met Ser Asp Arg Lys
 165 170 175

Trp Asn Trp Phe Ala Gln Val Leu Ser Thr Asn Cys Leu Gln Gly Ile
 180 185 190

Ser Ile Gly Trp Trp Lys Trp Asn His Asn Ala His His Ile Ala Cys
 195 200 205

Asn Ser Leu Asp Tyr Asp Pro Asp Leu Gln Tyr Ile Pro Leu Leu Val
 210 215 220

Val Ser Pro Lys Phe Phe Asn Ser Leu Thr Ser Arg Phe Tyr Asp Lys
 225 230 235 240

Lys Leu Asn Phe Asp Gly Val Ser Arg Phe Leu Val Cys Tyr Gln His
 245 250 255

Trp Thr Phe Tyr Pro Val Met Cys Val Ala Arg Leu Asn Met Ile Ala
 260 265 270

Gln Ser Phe Ile Thr Leu Phe Ser Ser Arg Glu Val Gly His Arg Ala
 275 280 285

Gln Glu Ile Phe Gly Leu Ala Val Phe Trp Val Trp Phe Pro Leu Leu
 290 295 300

Leu Ser Cys Leu Pro Asn Trp Ser Glu Arg Ile Met Phe Leu Leu Ala
 305 310 315 320

Ser Tyr Ser Val Thr Gly Ile Gln His Val Gln Phe Ser Leu Asn His
 325 330 335

Phe Ser Ser Asp Val Tyr Val Gly Pro Pro Val Ala Asn Asp Trp Phe
 340 345 350

Lys Lys Gln Thr Ala Gly Thr Leu Asn Ile Ser Cys Pro Ala Trp Met
 355 360 365

Asp Trp Phe His Gly Gly Leu Gln Phe Gln Val Glu His His Leu Phe
 370 375 380

Pro Arg Met Pro Arg Gly Gln Phe Arg Lys Ile Ser Pro Phe Val Arg
 385 390 395 400

Asp Leu Cys Lys Lys His Asn Leu Pro Tyr Asn Ile Ala Ser Phe Thr
 405 410 415

Lys Ala Asn Val Leu Thr Leu Lys Thr Leu Arg Asn Thr Ala Ile Glu
 420 425 430

Ala Arg Asp Leu Ser Asn Pro Thr Pro Lys Asn Met Val Trp Glu Ala
 435 440 445

Val His Thr His Gly
450

<210> 75
<211> 903
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 75
atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg tcc gcc gcg tac 48
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
1 5 10 15
gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcc cac gcg aat ggc 96
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
20 25 30
atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcc ttg agg 144
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
35 40 45
ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga 192
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
50 55 60
ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg 240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
65 70 75 80
ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg 288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
85 90 95
atg ttc gcg cga gag atc tcc ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca 336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
100 105 110
acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcc ttt aag atc ctc ctc ggg gtg 384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
115 120 125
tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc 432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
130 135 140
atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat 480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145 150 155 160
cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg 528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
165 170 175
gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcc 576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
180 185 190
ttc att cac atc gtg atg tac tcc tat tat ctc atg tcc gcg ctc ggc 624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly

195	200	205	
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa			672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln			
210	215	220	
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac			720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
225	230	235	240
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg			768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
245	250	255	
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg			816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
260	265	270	
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg			864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
275	280	285	
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa			903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
290	295	300	
<210> 76			
<211> 300			
<212> PRT			
<213> <i>Ostreococcus tauri</i>			
<400> 76			
Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr			
1	5	10	15
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly			
20	25	30	
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg			
35	40	45	
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly			
50	55	60	
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met			
65	70	75	80
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly			
85	90	95	
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser			
100	105	110	
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val			
115	120	125	
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe			
130	135	140	

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
 145 150 155 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
 165 170 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
 180 185 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
 195 200 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
 210 215 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
 225 230 235 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
 245 250 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
 260 265 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
 275 280 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
 290 295 300

<210> 77
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(903)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 77
 atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac 48
 Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
 1 5 10 15
 gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc 96
 Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30
 atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg 144
 Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45
 ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga 192
 Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly

50	55	60	
ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg			240
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met			
65	70	75	80
ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg			288
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly			
	85	90	95
atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca			336
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser			
	100	105	110
acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg			384
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val			
	115	120	125
tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc			432
Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe			
	130	135	140
atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat			480
Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr			
	145	150	155
cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg			528
His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met			
	165	170	175
gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg			576
Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser			
	180	185	190
ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc			624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly			
	195	200	205
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa			672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln			
	210	215	220
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac			720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
	225	230	235
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg			768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
	245	250	255
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg			816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
	260	265	270
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg			864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
	275	280	285
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa			903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
	290	295	300

<210> 78
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 78

Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
 1 5 10 15

Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30

Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45

Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
 50 55 60

Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
 65 70 75 80

Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
 85 90 95

Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
 100 105 110

Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
 115 120 125

Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
 130 135 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
 145 150 155 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
 165 170 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
 180 185 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
 195 200 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
 210 215 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
 225 230 235 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
 245 250 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
 260 265 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
 275 280 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
 290 295 300

<210> 79
 <211> 903
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(903)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 79
 atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg tcc gcc gcg tac 48
 Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr
 1 5 10 15
 gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tgg cac gcg aat ggc 96
 Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30
 atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tgg ttg agg 144
 Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45
 ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga 192
 Leu Pro Ala Ile Ala Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
 50 55 60
 ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg 240
 Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
 65 70 75 80
 ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg 288
 Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
 85 90 95
 atg ttc gcg cga gag atc tgg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca 336
 Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
 100 105 110
 acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tgg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg 384
 Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
 115 120 125
 tgg ttg cac tac aac aac caa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc 432
 Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
 130 135 140
 atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat 480
 Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
 145 150 155 160
 cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg 528
 His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
 165 170 175
 gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tgg 576
 Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser

180	185	190	
ttc att cac atc gtg atg tac tgc tat tat ctc atg tgc gcg ctc ggc			624
Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly			
195	200	205	
att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa			672
Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln			
210	215	220	
ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac			720
Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His			
225	230	235	240
tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg			768
Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met			
245	250	255	
ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tgc aac aag tgc			816
Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser			
260	265	270	
cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg			864
Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala			
275	280	285	
ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa			903
Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp			
290	295	300	

<210> 80
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 80

Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Ser Ala Ala Tyr			
1	5	10	15
Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly			
20	25	30	
Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg			
35	40	45	
Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly			
50	55	60	
Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met			
65	70	75	80
Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly			
85	90	95	
Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser			
100	105	110	
Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val			
115	120	125	

Trp Leu His Tyr Asn Asn Gln Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
130 135 140

Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
145 150 155 160

His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
165 170 175

Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
180 185 190

Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
195 200 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
210 215 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
225 230 235 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
245 250 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
260 265 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
275 280 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
290 295 300

<210> 81
<211> 879
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 81
atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag 48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1 5 10 15
tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt 96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
20 25 30
cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tcg agt acg gcg cat tta ccc gcc 144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala

35	40	45	
att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc			192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val			
50	55	60	
aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa			240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys			
65	70	75 80	
att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg			288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala			
	85	90 95	
ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa			336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln			
	100	105 110	
gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg			384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr			
	115	120 125	
gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata			432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile			
	130	135 140	
tac gag ttt gta gat act tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg			480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg			
	145	150 155 160	
caa gta aga ttc cta cac act tat cac cac agc acg att tcc ttt att			528
Gln Val Arg Phe Leu His Thr Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile			
	165	170 175	
tgg tgg atc att gct cgg agg gct ccg ggt gat gct tac ttc agc			576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser			
	180	185 190	
gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg tgc atg tac acc tat tat cta			624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu			
	195	200 205	
tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat cct aag cgt tcc aac tac ctt			672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu			
	210	215 220	
tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg cag atg ctt cag ttt ttc ttc			720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe			
	225	230 235 240	
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct tcg ttc tct acg tat ccc aag			768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys			
	245	250 255	
ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat atg atg agc ctt ctc gcc ttg			816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu			
	260	265 270	
ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac ata gca gca gct aag ctc cag			864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln			
	275	280 285	
aaa aaa cag cag tga			879
Lys Lys Gln Gln			
	290		

<211> 292

<212> PRT

<213> *Ostreococcus tauri*

<400> 82

Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
 1 5 10 15

Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
 20 25 30

Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
 35 40 45

Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
 50 55 60

Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
 65 70 75 80

Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
 85 90 95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
 100 105 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
 115 120 125

Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
 130 135 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
 145 150 155 160

Gln Val Arg Phe Leu His Thr Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
 165 170 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
 180 185 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
 195 200 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
 210 215 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
 225 230 235 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
 245 250 255

Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
 260 265 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
 275 280 285

Lys Lys Gln Gln
 290

<210> 83
 <211> 831
 <212> DNA
 <213> Thraustochytrium sp.

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(831)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 83
 atg gac gtc gtc gag cag caa tgg cgc cgc ttc gtg gac gcc gtg gac 48
 Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp
 1 5 10 15
 aac gga atc gtg gag ttc atg gag cat gag aag ccc aac aag ctg aac 96
 Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn
 20 25 30
 gag ggc aag ctc ttc acc tcg acc gag gag atg atg gcg ctt atc gtc 144
 Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val
 35 40 45
 ggc tac ctg gcg ttc gtg gtc ctc ggg tcc gcc ttc atg aag gcc ttt 192
 Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe
 50 55 60
 gtc gat aag cct ttc gag ctc aag ttc ctc aag ctc gtg cac aac atc 240
 Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile
 65 70 75 80
 ttc ctc acc ggt ctg tcc atg tac atg gcc acc gag tgc gcg cgc cag 288
 Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln
 85 90 95
 gca tac ctc ggc ggc tac aag ctc ttt ggc aac ccg atg gag aag ggc 336
 Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly
 100 105 110
 acc gag tcg cac gcc ccg ggc atg gcc aac atc atc tac atc ttc tac 384
 Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr
 115 120 125
 gtg agc aag ttc ctc gaa ttc ctc gac acc gtc ttc atg atc ctc ggc 432
 Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
 130 135 140
 aag aag tgg aag cag ctc agc ttt ctc cac gtc tac cac cac gcg agc 480
 Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
 145 150 155 160
 atc agc ttc atc tgg ggc atc atc gcc cgc ttc gcg ccc ggt ggc gac 528
 Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp

165	170	175	
gcc tac ttc tct acc atc ctc aac agc agc gtg cat gtc gtg ctc tac			576
Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr			
180	185	190	
ggc tac tac gcc tcg acc acc ctc ggc tac acc ttc atg cgc ccg ctg			624
Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu			
195	200	205	
cgc ccg tac att acc acc att cag ctc acg cag ttc atg gcc atg gtc			672
Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val			
210	215	220	
gtc cag tcc gtc tat gac tac tac aac ccc tgc gac tac ccg cag ccc			720
Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro			
225	230	235	240
ctc gtc aag ctg ctc ttc tgg tac atg ctc acc atg ctc ggc ctc ttc			768
Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe			
245	250	255	
ggc aac ttc ttc gtg cag cag tac ctc aag ccc aag gcg ccc aag aag			816
Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys			
260	265	270	
cag aag acc atc taa			831
Gln Lys Thr Ile			
275			
<210> 84			
<211> 276			
<212> PRT			
<213> Thraustochytrium sp.			
<400> 84			
Met Asp Val Val Glu Gln Gln Trp Arg Arg Phe Val Asp Ala Val Asp			
1	5	10	15
Asn Gly Ile Val Glu Phe Met Glu His Glu Lys Pro Asn Lys Leu Asn			
20	25	30	
Glu Gly Lys Leu Phe Thr Ser Thr Glu Glu Met Met Ala Leu Ile Val			
35	40	45	
Gly Tyr Leu Ala Phe Val Val Leu Gly Ser Ala Phe Met Lys Ala Phe			
50	55	60	
Val Asp Lys Pro Phe Glu Leu Lys Phe Leu Lys Leu Val His Asn Ile			
65	70	75	80
Phe Leu Thr Gly Leu Ser Met Tyr Met Ala Thr Glu Cys Ala Arg Gln			
85	90	95	
Ala Tyr Leu Gly Gly Tyr Lys Leu Phe Gly Asn Pro Met Glu Lys Gly			
100	105	110	
Thr Glu Ser His Ala Pro Gly Met Ala Asn Ile Ile Tyr Ile Phe Tyr			
115	120	125	

Val Ser Lys Phe Leu Glu Phe Leu Asp Thr Val Phe Met Ile Leu Gly
130 135 140

Lys Lys Trp Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Ser
145 150 155 160

Ile Ser Phe Ile Trp Gly Ile Ile Ala Arg Phe Ala Pro Gly Gly Asp
165 170 175

Ala Tyr Phe Ser Thr Ile Leu Asn Ser Ser Val His Val Val Leu Tyr
180 185 190

Gly Tyr Tyr Ala Ser Thr Thr Leu Gly Tyr Thr Phe Met Arg Pro Leu
195 200 205

Arg Pro Tyr Ile Thr Thr Ile Gln Leu Thr Gln Phe Met Ala Met Val
210 215 220

Val Gln Ser Val Tyr Asp Tyr Tyr Asn Pro Cys Asp Tyr Pro Gln Pro
225 230 235 240

Leu Val Lys Leu Leu Phe Trp Tyr Met Leu Thr Met Leu Gly Leu Phe
245 250 255

Gly Asn Phe Phe Val Gln Gln Tyr Leu Lys Pro Lys Ala Pro Lys Lys
260 265 270

Gln Lys Thr Ile
275

<210> 85
<211> 1077
<212> DNA
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1077)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 85
atg tgc tca cca ccg ccg tca caa tcc aaa aca aca tcc ctc cta gca 48
Met Cys Ser Pro Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala
1 5 10 15

cgg tac acc acc gcc gcc ctc ctc ctc ctc acc ctc aca acg tgg tgc 96
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys
20 25 30

cac ttc gcc ttc cca gcc gcc acc gcc aca ccc ggc ctc acc gcc gaa 144
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu
35 40 45

atg cac tcc tac aaa gtc cca ctc ggt ctc acc gta ttc tac ctg ctg 192
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu

50	55	60	
agt cta ccg tca cta aag tac gtt acg gac aac tac ctt gcc aaa aag			240
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys			
65	70	75	80
tat gat atg aag tca ctc ctg acg gaa tca atg gtg ttg tac aat gtg			288
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val			
	85	90	95
gcg caa gtg ctg ctc aat ggg tgg acg gtg tat gcg att gtg gat gcg			336
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala			
	100	105	110
gtg atg aat aga gac cat cct ttt att gga agt aga agt ttg gtt ggg			384
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly			
	115	120	125
gcg gcg ttg cat agt ggg agc tcg tat gcg gtg tgg gtt cat tat tgt			432
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys			
	130	135	140
gat aag tat ttg gag ttc ttt gat acg tat ttt atg gtg ttg agg ggg			480
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly			
145	150	155	160
aaa atg gac cag gtc tcc ttc ctc cac atc tac cac cac acg acc ata			528
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile			
	165	170	175
gcg tgg gca tgg tgg atc gcc ctc cgc ttc tcc ccc ggc gga gac att			576
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile			
	180	185	190
tac ttc ggg gca ctc ctc aac tcc atc atc cac gtc ctc atg tat tcc			624
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser			
	195	200	205
tac tac gcc ctt gcc cta ctc aag gtc agt tgt cca tgg aaa cga tac			672
Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr			
	210	215	220
ttg act caa gct caa tta ttg caa ttc aca agt gtg gtg gtt tat acg			720
Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr			
225	230	235	240
ggg tgt acg ggt tat act cat tac tat cat acg aag cat gga gcg gat			768
Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp			
	245	250	255
gag aca cag cct agt tta gga acg tat tat ttc tgt tgt gga gtg cag			816
Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln			
	260	265	270
gtg ttt gag atg gtt agt ttg ttt gta ctc ttt tcc atc ttt tat aaa			864
Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys			
	275	280	285
cga tcc tat tcg aag aag aac aag tca gga gga aag gat agc aag aag			912
Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys			
	290	295	300
aat gat gat ggg aat aat gag gat caa tgt cac aag gct atg aag gat			960
Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp			
305	310	315	320
ata tcg gag ggt gcg aag gag gtt gtg ggg cat gca gcg aag gat gct			1008
Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala			

135

325	330	335	
gga aag ttg gtg gct acg gcg agt aag gct gta aag agg aag gga act			1056
Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr			
340	345	350	
cgt gtt act ggt gcc atg tag			1077
Arg Val Thr Gly Ala Met			
355			
<210> 86			
<211> 358			
<212> PRT			
<213> Thalassiosira pseudonana			
<400> 86			
Met Cys Ser Pro Pro Pro Ser Gln Ser Lys Thr Thr Ser Leu Leu Ala			
1	5	10	15
Arg Tyr Thr Thr Ala Ala Leu Leu Leu Leu Thr Leu Thr Thr Trp Cys			
20	25	30	
His Phe Ala Phe Pro Ala Ala Thr Ala Thr Pro Gly Leu Thr Ala Glu			
35	40	45	
Met His Ser Tyr Lys Val Pro Leu Gly Leu Thr Val Phe Tyr Leu Leu			
50	55	60	
Ser Leu Pro Ser Leu Lys Tyr Val Thr Asp Asn Tyr Leu Ala Lys Lys			
65	70	75	80
Tyr Asp Met Lys Ser Leu Leu Thr Glu Ser Met Val Leu Tyr Asn Val			
85	90	95	
Ala Gln Val Leu Leu Asn Gly Trp Thr Val Tyr Ala Ile Val Asp Ala			
100	105	110	
Val Met Asn Arg Asp His Pro Phe Ile Gly Ser Arg Ser Leu Val Gly			
115	120	125	
Ala Ala Leu His Ser Gly Ser Ser Tyr Ala Val Trp Val His Tyr Cys			
130	135	140	
Asp Lys Tyr Leu Glu Phe Phe Asp Thr Tyr Phe Met Val Leu Arg Gly			
145	150	155	160
Lys Met Asp Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Thr Thr Ile			
165	170	175	
Ala Trp Ala Trp Trp Ile Ala Leu Arg Phe Ser Pro Gly Gly Asp Ile			
180	185	190	
Tyr Phe Gly Ala Leu Leu Asn Ser Ile Ile His Val Leu Met Tyr Ser			
195	200	205	

Tyr Tyr Ala Leu Ala Leu Leu Lys Val Ser Cys Pro Trp Lys Arg Tyr
 210 215 220

Leu Thr Gln Ala Gln Leu Leu Gln Phe Thr Ser Val Val Val Tyr Thr
 225 230 235 240

Gly Cys Thr Gly Tyr Thr His Tyr Tyr His Thr Lys His Gly Ala Asp
 245 250 255

Glu Thr Gln Pro Ser Leu Gly Thr Tyr Tyr Phe Cys Cys Gly Val Gln
 260 265 270

Val Phe Glu Met Val Ser Leu Phe Val Leu Phe Ser Ile Phe Tyr Lys
 275 280 285

Arg Ser Tyr Ser Lys Lys Asn Lys Ser Gly Gly Lys Asp Ser Lys Lys
 290 295 300

Asn Asp Asp Gly Asn Asn Glu Asp Gln Cys His Lys Ala Met Lys Asp
 305 310 315 320

Ile Ser Glu Gly Ala Lys Glu Val Val Gly His Ala Ala Lys Asp Ala
 325 330 335

Gly Lys Leu Val Ala Thr Ala Ser Lys Ala Val Lys Arg Lys Gly Thr
 340 345 350

Arg Val Thr Gly Ala Met
 355

<210> 87
 <211> 1086
 <212> DNA
 <213> *Phytophthora infestans*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1086)
 <223> Omega-3-Desaturase

<400> 87
 atg gcg acg aag gag gcg tat gtg ttc ccc act ctg acg gag atc aag 48
 Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys
 1 5 10 15
 cgg tcg cta cct aaa gac tgt ttc gag gct tcg gtg cct ctg tcg ctc 96
 Arg Ser Leu Pro Lys Asp Cys Phe Glu Ala Ser Val Pro Leu Ser Leu
 20 25 30
 tac tac acc gtg cgt tgt ctg gtg atc gcg gtg gct cta acc ttc ggt 144
 Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly
 35 40 45
 ctc aac tac gct cgc gct ctg ccc gag gtc gag agc ttc tgg gct ctg 192
 Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu

50	55	60	
gac gcc gca ctc tgc acg ggc tac atc ttg ctg cag ggc atc gtg ttc			240
Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe			
65	70	75	80
tggtggc ttc ttc acg gtg ggc cac gat gcc ggc cac ggc gcc ttc tcg			288
Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Ala Gly His Gly Ala Phe Ser			
	85	90	95
cgc tac cac ctg ctt aac ttc gtg gtg ggc act ttc atg cac tcg ctc			336
Arg Tyr His Leu Leu Asn Phe Val Val Gly Thr Phe Met His Ser Leu			
	100	105	110
atc ctc acg ccc ttc gag tcg tgg aag ctc acg cac cgt cac cac cac			384
Ile Leu Thr Pro Phe Glu Ser Trp Lys Leu Thr His Arg His His His			
	115	120	125
aag aac acg ggc aac att gac cgt gac gag gtc ttc tac ccg caa cgc			432
Lys Asn Thr Gly Asn Ile Asp Arg Asp Glu Val Phe Tyr Pro Gln Arg			
	130	135	140
aag gcc gac gac cac ccg ctg tct cgc aac ctg att ctg gcg ctc ggg			480
Lys Ala Asp Asp His Pro Leu Ser Arg Asn Leu Ile Leu Ala Leu Gly			
	145	150	155
gca gcg tgg ctc gcc tat ttg gtc gag ggc ttc cct cct cgt aag gtc			528
Ala Ala Trp Leu Ala Tyr Leu Val Glu Gly Phe Pro Pro Arg Lys Val			
	165	170	175
aac cac ttc aac ccg ttc gag cct ctg ttc gtg cgt cag gtg tca gct			576
Asn His Phe Asn Pro Phe Glu Pro Leu Phe Val Arg Gln Val Ser Ala			
	180	185	190
gtg gta atc tct ctt ctc gcc cac ttc ttc gtg gcc gga ctc tcc atc			624
Val Val Ile Ser Leu Leu Ala His Phe Phe Val Ala Gly Leu Ser Ile			
	195	200	205
tat ctg agc ctc cag ctg ggc ctt aag acg atg gca atc tac tac tat			672
Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Lys Leu Lys Thr Met Ala Ile Tyr Tyr Tyr			
	210	215	220
gga cct gtt ttt gtg ttc ggc agc atg ctg gtc att acc acc ttc cta			720
Gly Pro Val Phe Val Phe Gly Ser Met Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu			
	225	230	235
cac cac aat gat gag gag acc cca tgg tac gcc gac tcg gag tgg acg			768
His His Asn Asp Glu Glu Thr Pro Trp Tyr Ala Asp Ser Glu Trp Thr			
	245	250	255
tac gtc aag ggc aac ctc tcg tcc gtg gac cga tcg tac ggc gcg ctc			816
Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala Leu			
	260	265	270
att gac aac ctg agc cac aac atc ggc acg cac cag atc cac cac ctt			864
Ile Asp Asn Leu Ser His Asn Ile Gly Thr His Gln Ile His His Leu			
	275	280	285
ttc cct atc att ccg cac tac aaa ctc aag aaa gcc act gcg gcc ttc			912
Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Thr Ala Ala Phe			
	290	295	300
cac cag gct ttc cct gag ctc gtg cgc aag agc gac gag cca att atc			960
His Gln Ala Phe Pro Glu Leu Val Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Ile			
	305	310	315
aag gct ttc ttc ccg gtt gga cgt ctc tac gca aac tac ggc gtt gtg			1008
Lys Ala Phe Phe Arg Val Gly Arg Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Val Val			

```

          325          330          335
gac cag gag gcg aag ctc ttc acg cta aag gaa gcc aag gcg gcg acc 1056
Asp Gln Glu Ala Lys Leu Phe Thr Leu Lys Glu Ala Lys Ala Ala Thr
          340          345          350

gag gcg gcg gcc aag acc aag tcc acg taa 1086
Glu Ala Ala Ala Lys Thr Lys Ser Thr
          355          360

<210> 88
<211> 361
<212> PRT
<213> Phytophthora infestans

<400> 88
Met Ala Thr Lys Glu Ala Tyr Val Phe Pro Thr Leu Thr Glu Ile Lys
1          5          10          15

Arg Ser Leu Pro Lys Asp Cys Phe Glu Ala Ser Val Pro Leu Ser Leu
          20          25          30

Tyr Tyr Thr Val Arg Cys Leu Val Ile Ala Val Ala Leu Thr Phe Gly
          35          40          45

Leu Asn Tyr Ala Arg Ala Leu Pro Glu Val Glu Ser Phe Trp Ala Leu
          50          55          60

Asp Ala Ala Leu Cys Thr Gly Tyr Ile Leu Leu Gln Gly Ile Val Phe
65          70          75          80

Trp Gly Phe Phe Thr Val Gly His Asp Ala Gly His Gly Ala Phe Ser
          85          90          95

Arg Tyr His Leu Leu Asn Phe Val Val Gly Thr Phe Met His Ser Leu
          100          105          110

Ile Leu Thr Pro Phe Glu Ser Trp Lys Leu Thr His Arg His His His
          115          120          125

Lys Asn Thr Gly Asn Ile Asp Arg Asp Glu Val Phe Tyr Pro Gln Arg
          130          135          140

Lys Ala Asp Asp His Pro Leu Ser Arg Asn Leu Ile Leu Ala Leu Gly
145          150          155          160

Ala Ala Trp Leu Ala Tyr Leu Val Glu Gly Phe Pro Pro Arg Lys Val
          165          170          175

Asn His Phe Asn Pro Phe Glu Pro Leu Phe Val Arg Gln Val Ser Ala
          180          185          190

Val Val Ile Ser Leu Leu Ala His Phe Phe Val Ala Gly Leu Ser Ile
          195          200          205

```

Tyr Leu Ser Leu Gln Leu Gly Leu Lys Thr Met Ala Ile Tyr Tyr Tyr
210 215 220

Gly Pro Val Phe Val Phe Gly Ser Met Leu Val Ile Thr Thr Phe Leu
225 230 235 240

His His Asn Asp Glu Glu Thr Pro Trp Tyr Ala Asp Ser Glu Trp Thr
245 250 255

Tyr Val Lys Gly Asn Leu Ser Ser Val Asp Arg Ser Tyr Gly Ala Leu
260 265 270

Ile Asp Asn Leu Ser His Asn Ile Gly Thr His Gln Ile His His Leu
275 280 285

Phe Pro Ile Ile Pro His Tyr Lys Leu Lys Lys Ala Thr Ala Ala Phe
290 295 300

His Gln Ala Phe Pro Glu Leu Val Arg Lys Ser Asp Glu Pro Ile Ile
305 310 315 320

Lys Ala Phe Phe Arg Val Gly Arg Leu Tyr Ala Asn Tyr Gly Val Val
325 330 335

Asp Gln Glu Ala Lys Leu Phe Thr Leu Lys Glu Ala Lys Ala Ala Thr
340 345 350

Glu Ala Ala Ala Lys Thr Lys Ser Thr
355 360

<210> 89
<211> 1371
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1371)
<223> Delta-6-Desaturase

<400> 89
atg tgc gtg gag acg gaa aat aac gat ggg atc ccc acg gtg gag atc 48
Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
1 5 10 15
gcg ttc gac ggt gag cgc gag cgg gcg gag gca aac gtg aag ctg tcc 96
Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
20 25 30
gcg gag aag atg gag ccg gcg gcg ctg gcg aag acg ttc gcg agg cgg 144
Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
35 40 45
tac gtc gtg atc gag ggg gtg gag tac gat gtg acg gat ttt aag cac 192
Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His

50	55	60	
ccg gga gga acg gtt att ttc tat gcg ttg tca aac acc ggg gcg gac			240
Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp			
65	70	75	80
gcg acg gaa gcg ttc aag gag ttt cat cat cgg tcg aga aag gcg agg			288
Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg			
	85	90	95
aaa gcc ttg gcg gcg ctc ccg tct cga ccg gcc aag acg gcc aag gtg			336
Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val			
	100	105	110
gac gac gcg gag atg ctc caa gat ttc gcc aag tgg cgg aaa gaa ttg			384
Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu			
	115	120	125
gag aga gat gga ttc ttc aag ccc tct ccg gcg cac gtg gcg tat cgc			432
Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg			
	130	135	140
ttc gcc gag ctc gcg gcg atg tac gct ctc ggg acg tac ctg atg tac			480
Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr			
	145	150	155
gct cga tac gtc gtc tcc tcg gtg ctc gtg tac gct tgc ttt ttc ggc			528
Ala Arg Tyr Val Val Ser Ser Val Leu Val Tyr Ala Cys Phe Phe Gly			
	165	170	175
gcc cga tgc ggt tgg gtg cag cac gag ggc gga cac agc tcg ctg acg			576
Ala Arg Cys Gly Trp Val Gln His Glu Gly Gly His Ser Ser Leu Thr			
	180	185	190
ggc aac att tgg tgg gac aag cgc atc cag gcc ttc aca gcc ggg ttc			624
Gly Asn Ile Trp Trp Asp Lys Arg Ile Gln Ala Phe Thr Ala Gly Phe			
	195	200	205
ggt ctc gcc ggt agc ggc gac atg tgg aac tcg atg cac aac aag cat			672
Gly Leu Ala Gly Ser Gly Asp Met Trp Asn Ser Met His Asn Lys His			
	210	215	220
cac gcg acg cct caa aag gtt cgt cac gac atg gat ctg gac acc acc			720
His Ala Thr Pro Gln Lys Val Arg His Asp Met Asp Leu Asp Thr Thr			
	225	230	235
ccc gcg gtg gcg ttc ttc aac acc gcg gtg gaa gac aat cgt ccc cgt			768
Pro Ala Val Ala Phe Phe Asn Thr Ala Val Glu Asp Asn Arg Pro Arg			
	245	250	255
ggc ttt agc aag tac tgg ttg cgc ctt cag gcg tgg acc ttc atc ccc			816
Gly Phe Ser Lys Tyr Trp Leu Arg Leu Gln Ala Trp Thr Phe Ile Pro			
	260	265	270
gtg acg tcc ggc ttg gtg ctc ctt ttc tgg atg ttt ttc ctc cac ccc			864
Val Thr Ser Gly Leu Val Leu Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro			
	275	280	285
tcc aag gct ttg aag ggt ggc aag tac gaa gag ttg gtg tgg atg ctc			912
Ser Lys Ala Leu Lys Gly Gly Lys Tyr Glu Glu Leu Val Trp Met Leu			
	290	295	300
gcc gcg cac gtc atc cgc acg tgg acg atc aag gcg gtg acc gga ttc			960
Ala Ala His Val Ile Arg Thr Trp Thr Ile Lys Ala Val Thr Gly Phe			
	305	310	315
acc gcg atg cag tcc tac ggc tta ttt ttg gcg acg agc tgg gtg agc			1008
Thr Ala Met Gln Ser Tyr Gly Leu Phe Leu Ala Thr Ser Trp Val Ser			

325	330	335	
ggc tgc tat ctg ttt gca cac ttc tcc acg tgc cac acg cac ctg gat			1056
Gly Cys Tyr Leu Phe Ala His Phe Ser Thr Ser His Thr His Leu Asp			
340	345	350	
gtg gtg ccc gcg gac gag cat ctc tcc tgg gtt cga tac gcc gtc gat			1104
Val Val Pro Ala Asp Glu His Leu Ser Trp Val Arg Tyr Ala Val Asp			
355	360	365	
cac acg atc gac atc gat ccg agt caa ggt tgg gtg aac tgg ttg atg			1152
His Thr Ile Asp Ile Asp Pro Ser Gln Gly Trp Val Asn Trp Leu Met			
370	375	380	
ggc tac ctc aac tgc caa gtc atc cac cac ctc ttt ccg agc atg ccg			1200
Gly Tyr Leu Asn Cys Gln Val Ile His His Leu Phe Pro Ser Met Pro			
385	390	400	
cag ttc cgc cag ccc gag gta tct cgc cgc ttc gtc gcc ttt gcg aaa			1248
Gln Phe Arg Gln Pro Glu Val Ser Arg Arg Phe Val Ala Phe Ala Lys			
405	410	415	
aag tgg aac ctc aac tac aag gtc atg acc tac gcc ggt gcg tgg aag			1296
Lys Trp Asn Leu Asn Tyr Lys Val Met Thr Tyr Ala Gly Ala Trp Lys			
420	425	430	
gca acg ctc gga aac ctc gac aac gtg ggt aag cac tac tac gtg cac			1344
Ala Thr Leu Gly Asn Leu Asp Asn Val Gly Lys His Tyr Tyr Val His			
435	440	445	
ggc caa cac tcc gga aag acg gcg taa			1371
Gly Gln His Ser Gly Lys Thr Ala			
450	455		

<210> 90
 <211> 456
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

<400> 90

Met Cys Val Glu Thr Glu Asn Asn Asp Gly Ile Pro Thr Val Glu Ile
 1 5 10 15

Ala Phe Asp Gly Glu Arg Glu Arg Ala Glu Ala Asn Val Lys Leu Ser
 20 25 30

Ala Glu Lys Met Glu Pro Ala Ala Leu Ala Lys Thr Phe Ala Arg Arg
 35 40 45

Tyr Val Val Ile Glu Gly Val Glu Tyr Asp Val Thr Asp Phe Lys His
 50 55 60

Pro Gly Gly Thr Val Ile Phe Tyr Ala Leu Ser Asn Thr Gly Ala Asp
 65 70 75 80

Ala Thr Glu Ala Phe Lys Glu Phe His His Arg Ser Arg Lys Ala Arg
 85 90 95

Lys Ala Leu Ala Ala Leu Pro Ser Arg Pro Ala Lys Thr Ala Lys Val
 100 105 110

Asp Asp Ala Glu Met Leu Gln Asp Phe Ala Lys Trp Arg Lys Glu Leu
 115 120 125

Glu Arg Asp Gly Phe Phe Lys Pro Ser Pro Ala His Val Ala Tyr Arg
 130 135 140

Phe Ala Glu Leu Ala Ala Met Tyr Ala Leu Gly Thr Tyr Leu Met Tyr
 145 150 155 160

Ala Arg Tyr Val Val Ser Ser Val Leu Val Tyr Ala Cys Phe Phe Gly
 165 170 175

Ala Arg Cys Gly Trp Val Gln His Glu Gly Gly His Ser Ser Leu Thr
 180 185 190

Gly Asn Ile Trp Trp Asp Lys Arg Ile Gln Ala Phe Thr Ala Gly Phe
 195 200 205

Gly Leu Ala Gly Ser Gly Asp Met Trp Asn Ser Met His Asn Lys His
 210 215 220

His Ala Thr Pro Gln Lys Val Arg His Asp Met Asp Leu Asp Thr Thr
 225 230 235 240

Pro Ala Val Ala Phe Phe Asn Thr Ala Val Glu Asp Asn Arg Pro Arg
 245 250 255

Gly Phe Ser Lys Tyr Trp Leu Arg Leu Gln Ala Trp Thr Phe Ile Pro
 260 265 270

Val Thr Ser Gly Leu Val Leu Leu Phe Trp Met Phe Phe Leu His Pro
 275 280 285

Ser Lys Ala Leu Lys Gly Gly Lys Tyr Glu Glu Leu Val Trp Met Leu
 290 295 300

Ala Ala His Val Ile Arg Thr Trp Thr Ile Lys Ala Val Thr Gly Phe
 305 310 315 320

Thr Ala Met Gln Ser Tyr Gly Leu Phe Leu Ala Thr Ser Trp Val Ser
 325 330 335

Gly Cys Tyr Leu Phe Ala His Phe Ser Thr Ser His Thr His Leu Asp
 340 345 350

Val Val Pro Ala Asp Glu His Leu Ser Trp Val Arg Tyr Ala Val Asp
 355 360 365

His Thr Ile Asp Ile Asp Pro Ser Gln Gly Trp Val Asn Trp Leu Met
 370 375 380

Gly Tyr Leu Asn Cys Gln Val Ile His His Leu Phe Pro Ser Met Pro
385 390 395 400

Gln Phe Arg Gln Pro Glu Val Ser Arg Arg Phe Val Ala Phe Ala Lys
405 410 415

Lys Trp Asn Leu Asn Tyr Lys Val Met Thr Tyr Ala Gly Ala Trp Lys
420 425 430

Ala Thr Leu Gly Asn Leu Asp Asn Val Gly Lys His Tyr Tyr Val His
435 440 445

Gly Gln His Ser Gly Lys Thr Ala
450 455

<210> 91
<211> 606
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(606)
<223> Delta-5-Desaturase

<400> 91
atg tac ggt ttg cta tcg ctc aag tcg tgc ttc gtc gac gat ttc aac 48
Met Tyr Gly Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn
1 5 10 15
gcc tac ttc tcc gga cgc atc ggc tgg gtc aag gtg atg aag ttc acc 96
Ala Tyr Phe Ser Gly Arg Ile Gly Trp Val Lys Val Met Lys Phe Thr
20 25 30
cgc ggc gag gcg atc gca ttt tgg ggc acc aag ctc ttg tgg gcc gcg 144
Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala
35 40 45
tat tac ctc gcg ttg ccg cta aag atg tcg cat cgg ccg ctc gga gaa 192
Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu
50 55 60
ctc ctc gca ctc tgg gcc gtc acc gag ttc gtc acc gga tgg ctg ttg 240
Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu
65 70 75 80
gcg ttc atg ttc caa gtc gcc cac gtc gtc ggc gag gtt cac ttc ttc 288
Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe
85 90 95
acc ctc gac gcg aag aac cgc gtg aac ttg gga tgg gga gag gca cag 336
Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln
100 105 110
ctc atg tcg agc gcg gat ttc gcc cac gga tcc aag ttt tgg acg cac 384
Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His
115 120 125
ttc tcc gga ggc tta aac tac caa gtc gtc cac cat ctc ttc ccg gcc 432
Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly

130	135	140	
gtc tgc cac gtg cac tat ccc gcg ctc gcg cca att att aag gcg gca			480
Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala			
145	150	155	160
gct gag aag cac ggc ctc cac tac cag att tac ccc acg ttt tgg tcc			528
Ala Glu Lys His Gly Leu His Tyr Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Trp Ser			
	165	170	175
gcc ctg cgc gcg cac ttc cgg cac ctc gcc aac gtc ggc cgc gcc gcg			576
Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Trp Ser			
	180	185	190
tac gta ccg tcc ctc caa acc gtc gga tga			606
Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly			
	195	200	
<210> 92			
<211> 201			
<212> PRT			
<213> Ostreococcus tauri			
<400> 92			
Met Tyr Gly Leu Leu Ser Leu Lys Ser Cys Phe Val Asp Asp Phe Asn			
1	5	10	15
Ala Tyr Phe Ser Gly Arg Ile Gly Trp Val Lys Val Met Lys Phe Thr			
	20	25	30
Arg Gly Glu Ala Ile Ala Phe Trp Gly Thr Lys Leu Leu Trp Ala Ala			
	35	40	45
Tyr Tyr Leu Ala Leu Pro Leu Lys Met Ser His Arg Pro Leu Gly Glu			
	50	55	60
Leu Leu Ala Leu Trp Ala Val Thr Glu Phe Val Thr Gly Trp Leu Leu			
	65	70	75
Ala Phe Met Phe Gln Val Ala His Val Val Gly Glu Val His Phe Phe			
	85	90	95
Thr Leu Asp Ala Lys Asn Arg Val Asn Leu Gly Trp Gly Glu Ala Gln			
	100	105	110
Leu Met Ser Ser Ala Asp Phe Ala His Gly Ser Lys Phe Trp Thr His			
	115	120	125
Phe Ser Gly Gly Leu Asn Tyr Gln Val Val His His Leu Phe Pro Gly			
	130	135	140
Val Cys His Val His Tyr Pro Ala Leu Ala Pro Ile Ile Lys Ala Ala			
	145	150	155
Ala Glu Lys His Gly Leu His Tyr Gln Ile Tyr Pro Thr Phe Trp Ser			
	165	170	175

Ala Leu Arg Ala His Phe Arg His Leu Ala Asn Val Gly Arg Ala Ala
 180 185 190

Tyr Val Pro Ser Leu Gln Thr Val Gly
 195 200

<210> .93
 <211> 714
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(714)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 93
 atg gtg agc cat cac tcg tac tgt aac gac gcg gat ttg gat cag gat 48
 Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp
 1 5 10 15
 gtg tac acc gca ctg ccg ctc ctg cgc ctg gac ccg tct cag gag ttg 96
 Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu
 20 25 30
 aag tgg ttt cat cga tac cag gcg ttt tac gcc ccg ctc atg tgg ccg 144
 Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro
 35 40 45
 ttt ttg tgg ctc gcg gcg cag ttt ggc gac gcg cag aac atc ctg atc 192
 Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile
 50 55 60
 gac cga gcg tcg ccg ggc gtc gcg tac aag gga ttg atg gcg aac gag 240
 Asp Arg Ala Ser Pro Gly Val Ala Tyr Lys Gly Leu Met Ala Asn Glu
 65 70 75 80
 gtc gcg ctg tac gtt ctc ggt aag gtt tta cac ttt ggt ctt ctc ctc 288
 Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu
 85 90 95
 ggc gtt cct gcg tac ttg cac gga ttg tcc aac gcg atc gtt cca ttc 336
 Gly Val Pro Ala Tyr Leu His Gly Leu Ser Asn Ala Ile Val Pro Phe
 100 105 110
 ttg gcg tac ggc gca ttc ggc tcc ttc gtc ctg tgc tgg ttc ttc atc 384
 Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile
 115 120 125
 gtc agc cat aac ctc gaa gcg ctg aca ccc gtt aac ctt aac aag tcc 432
 Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser
 130 135 140
 acg aag aac gac tgg ggg gcg tgg cag atc gag aca tcg gcg tct tgg 480
 Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp
 145 150 155 160
 ggc aac gcg ttc tgg agc ttc ttc tct gga ggt ctg aac ctg caa atc 528
 Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile
 165 170 175
 gag cac cac ctc ttc ccg ggc atg gcg cac aac ctg tac ccg aag atg 576
 Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met

180	185	190	
gtg ccg atc atc aag gac gag tgt gcg aaa gcg ggc gtt cgc tac acc			624
Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr			
195	200	205	
ggg tac ggt ggc tac acc ggc ctg ctc ccg atc acc cgc gac atg ttc			672
Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe			
210	215	220	
tcc tac ctc cat aag tgt ggc cga acg gcg aaa cta gcc taa			714
Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala			
225	230	235	

<210> 94
 <211> 237
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*
 <400> 94

Met Val Ser His His Ser Tyr Cys Asn Asp Ala Asp Leu Asp Gln Asp	
1	15

Val Tyr Thr Ala Leu Pro Leu Leu Arg Leu Asp Pro Ser Gln Glu Leu	
20	30

Lys Trp Phe His Arg Tyr Gln Ala Phe Tyr Ala Pro Leu Met Trp Pro	
35	45

Phe Leu Trp Leu Ala Ala Gln Phe Gly Asp Ala Gln Asn Ile Leu Ile	
50	60

Asp Arg Ala Ser Pro Gly Val Ala Tyr Lys Gly Leu Met Ala Asn Glu	
65	80

Val Ala Leu Tyr Val Leu Gly Lys Val Leu His Phe Gly Leu Leu Leu	
85	95

Gly Val Pro Ala Tyr Leu His Gly Leu Ser Asn Ala Ile Val Pro Phe	
100	110

Leu Ala Tyr Gly Ala Phe Gly Ser Phe Val Leu Cys Trp Phe Phe Ile	
115	125

Val Ser His Asn Leu Glu Ala Leu Thr Pro Val Asn Leu Asn Lys Ser	
130	140

Thr Lys Asn Asp Trp Gly Ala Trp Gln Ile Glu Thr Ser Ala Ser Trp	
145	160

Gly Asn Ala Phe Trp Ser Phe Phe Ser Gly Gly Leu Asn Leu Gln Ile	
165	175

Glu His His Leu Phe Pro Gly Met Ala His Asn Leu Tyr Pro Lys Met	
180	190

Val Pro Ile Ile Lys Asp Glu Cys Ala Lys Ala Gly Val Arg Tyr Thr
 195 200 205

Gly Tyr Gly Gly Tyr Thr Gly Leu Leu Pro Ile Thr Arg Asp Met Phe
 210 215 220

Ser Tyr Leu His Lys Cys Gly Arg Thr Ala Lys Leu Ala
 225 230 235

<210> 95
 <211> 1611
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1611)
 <223> Delta-4-Desaturase

<400> 95
 atg tac ctc gga cgc ggc cgt ctc gag agc ggg acg acg cga ggg atg 48
 Met Tyr Leu Gly Arg Gly Arg Leu Glu Ser Gly Thr Thr Arg Gly Met
 1 5 10 15
 atg cgg acg cac gcg cgg cga ccg tcg acg acg tcg aat ccg tgc gcg 96
 Met Arg Thr His Ala Arg Arg Pro Ser Thr Thr Ser Asn Pro Cys Ala
 20 25 30
 cgg tca cgc gtg cgt aag acg acg gag cga tcg ctc gcg cga gtg cga 144
 Arg Ser Arg Val Arg Lys Thr Thr Glu Arg Ser Leu Ala Arg Val Arg
 35 40 45
 cga tcg acg agt gag aag gga agc gcg ctc gtg ctc gag cga gag agc 192
 Arg Ser Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ala Leu Val Leu Glu Arg Glu Ser
 50 55 60
 gaa cgg gag aag gag gag gga ggg aaa gcg cga gcg gag gga ttg cga 240
 Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gly Gly Lys Ala Arg Ala Glu Gly Leu Arg
 65 70 75 80
 ttc caa cgc ccg gac gtc gcc gcg ccg ggg gga gcg gat cct tgg aac 288
 Phe Gln Arg Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Gly Ala Asp Pro Trp Asn
 85 90 95
 gac gag aag tgg aca aag acc aag tgg acg gta ttc aga gac gtc gcg 336
 Asp Glu Lys Trp Thr Lys Thr Lys Trp Thr Val Phe Arg Asp Val Ala
 100 105 110
 tac gat ctc gat cct ttc ttc gct cga cac ccc gga gga gac tgg ctc 384
 Tyr Asp Leu Asp Pro Phe Phe Ala Arg His Pro Gly Gly Asp Trp Leu
 115 120 125
 ctg aac ttg gcc gtg gga cga gac tgc acc gcg ctc atc gaa tcc tat 432
 Leu Asn Leu Ala Val Gly Arg Asp Cys Thr Ala Leu Ile Glu Ser Tyr
 130 135 140
 cac ttg cga cca gag gtg gcg acg gct cgt ttc aga atg ctg ccc aaa 480
 His Leu Arg Pro Glu Val Ala Thr Ala Arg Phe Arg Met Leu Pro Lys
 145 150 155 160
 ctc gag gat ttt ccc gtc gag gcc gtg ccc aag tcc ccg aga ccg aac 528
 Leu Glu Asp Phe Pro Val Glu Ala Val Pro Lys Ser Pro Arg Pro Asn

165	170	175	
gat tgc ccg tta tac aac aac att cgc aac cga gtc cgc gaa gag ctc Asp Ser Pro Leu Tyr Asn Asn Ile Arg Asn Arg Val Arg Glu Glu Leu 180 185 190			576
ttc cca gag gag gga aag aat atg cac aga cag ggc ggc gac cac ggc Phe Pro Glu Glu Gly Lys Asn Met His Arg Gln Gly Gly Asp His Gly 195 200 205			624
gac ggt gac gat tct ggg ttt cgc cgc ctt ttg ctt atg ccg tgt acc Asp Gly Asp Asp Ser Gly Phe Arg Arg Leu Leu Met Pro Cys Thr 210 215 220			672
tat tcc ctt ccg ggg gtt cct ttc cgg ctg cct cct cgg gtc tgc cgg Tyr Ser Leu Pro Gly Val Pro Phe Arg Leu Pro Pro Arg Val Ser Arg 225 230 235 240			720
ggg cgt gga ttg gtc tca cga ttc agg cac tgc gcc aac cac ggc ggc Gly Arg Gly Leu Val Ser Arg Phe Arg His Cys Ala Asn His Gly Ala 245 250 255			768
atg tct cct tgc ccg gcc gtt aac ggc gtc ctc ggt ttg acg aac gat Met Ser Pro Ser Pro Ala Val Asn Gly Val Leu Gly Leu Thr Asn Asp 260 265 270			816
ctc atc ggc ggc tgc tcc ttg atg tgg aga tat cac cac caa gtc agc Leu Ile Gly Gly Ser Ser Leu Met Trp Arg Tyr His His Gln Val Ser 275 280 285			864
cac cac att cat tgc aac gac aac gcc atg gat caa gac gtg tac acg His His Ile His Cys Asn Asp Asn Ala Met Asp Gln Asp Val Tyr Thr 290 295 300			912
gcg atg cca tta ttg cgt ttc gac gct cgc cgg ccc aag tcc tgg tac Ala Met Pro Leu Leu Arg Phe Asp Ala Arg Pro Lys Ser Trp Tyr 305 310 315 320			960
cat cgc ttc cag cag tgg tac atg ttt tta gcg ttc ccg ttg ttg cag His Arg Phe Gln Gln Trp Tyr Met Phe Leu Ala Phe Pro Leu Leu Gln 325 330 335			1008
gtt gcc ttc caa gtc gga gac att gcc gca ctg ttc acg cgt gat acc Val Ala Phe Gln Val Gly Asp Ile Ala Ala Leu Phe Thr Arg Asp Thr 340 345 350			1056
gaa ggc gct aag ctt cac ggg gcg acg acg tgg gag ctt acc acg gtt Glu Gly Ala Lys Leu His Gly Ala Thr Thr Trp Glu Leu Thr Thr Val 355 360 365			1104
gtc ctc ggt aag att gtg cac ttc ggt ctt ttg ttg ggg ccg ttg atg Val Leu Gly Lys Ile Val His Phe Gly Leu Leu Leu Gly Pro Leu Met 370 375 380			1152
aac cac gcg gtg agt tct gtt ttg ctg ggg atc gtc ggt ttc atg gcg Asn His Ala Val Ser Ser Val Leu Leu Gly Ile Val Gly Phe Met Ala 385 390 395 400			1200
tgc caa ggt ata gtt ctg gcg tgc acg ttt gct gtg agt cac aat gtc Cys Gln Gly Ile Val Leu Ala Cys Thr Phe Ala Val Ser His Asn Val 405 410 415			1248
gcg gag gcg aag ata cct gag gac acc gga gga gaa gcc tgg gag aga Ala Glu Ala Lys Ile Pro Glu Asp Thr Gly Gly Glu Ala Trp Glu Arg 420 425 430			1296
gat tgg ggt gtc cag cag ttg gtg act agc gcc gac tgg ggt gga aag Asp Trp Gly Val Gln Gln Leu Val Thr Ser Ala Asp Trp Gly Gly Lys 435 440 445			1344

435	440	445	
ata ggt aac ttc ttc acg ggt ggc ctc aac ttg caa gtt gag cac cac Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His 450 455 460			1392
ttg ttt ccg gcg att tgc ttc gtc cac tac ccg gac atc gcg aag atc Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile 465 470 475 480			1440
gtg aag gaa gaa gcg gcc aag ctc aac atc cct tac gcg tct tac agg Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg 485 490 495			1488
act ctt cct ggt att ttc gtc caa ttc tgg aga ttt atg aag gac atg Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met 500 505 510			1536
ggc acg gct gag caa att ggt gaa gtt cca ttg ccg aag att ccc aac Gly Thr Ala Glu Gln Ile Gly Glu Val Pro Leu Pro Lys Ile Pro Asn 515 520 525			1584
ccg cag ctc gcg ccg aag ctc gct tag Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala 530 535			1611
<210> 96			
<211> 536			
<212> PRT			
<213> <i>Ostreococcus tauri</i>			
<400> 96			
Met Tyr Leu Gly Arg Gly Arg Leu Glu Ser Gly Thr Thr Arg Gly Met 1 5 10 15			
Met Arg Thr His Ala Arg Arg Pro Ser Thr Thr Ser Asn Pro Cys Ala 20 25 30			
Arg Ser Arg Val Arg Lys Thr Thr Glu Arg Ser Leu Ala Arg Val Arg 35 40 45			
Arg Ser Thr Ser Glu Lys Gly Ser Ala Leu Val Leu Glu Arg Glu Ser 50 55 60			
Glu Arg Glu Lys Glu Glu Gly Gly Lys Ala Arg Ala Glu Gly Leu Arg 65 70 75 80			
Phe Gln Arg Pro Asp Val Ala Ala Pro Gly Gly Ala Asp Pro Trp Asn 85 90 95			
Asp Glu Lys Trp Thr Lys Thr Lys Trp Thr Val Phe Arg Asp Val Ala 100 105 110			
Tyr Asp Leu Asp Pro Phe Phe Ala Arg His Pro Gly Gly Asp Trp Leu 115 120 125			
Leu Asn Leu Ala Val Gly Arg Asp Cys Thr Ala Leu Ile Glu Ser Tyr 130 135 140			

His Leu Arg Pro Glu Val Ala Thr Ala Arg Phe Arg Met Leu Pro Lys
 145 150 155 160

Leu Glu Asp Phe Pro Val Glu Ala Val Pro Lys Ser Pro Arg Pro Asn
 165 170 175

Asp Ser Pro Leu Tyr Asn Asn Ile Arg Asn Arg Val Arg Glu Glu Leu
 180 185 190

Phe Pro Glu Glu Gly Lys Asn Met His Arg Gln Gly Gly Asp His Gly
 195 200 205

Asp Gly Asp Asp Ser Gly Phe Arg Arg Leu Leu Leu Met Pro Cys Thr
 210 215 220

Tyr Ser Leu Pro Gly Val Pro Phe Arg Leu Pro Pro Arg Val Ser Arg
 225 230 235 240

Gly Arg Gly Leu Val Ser Arg Phe Arg His Cys Ala Asn His Gly Ala
 245 250 255

Met Ser Pro Ser Pro Ala Val Asn Gly Val Leu Gly Leu Thr Asn Asp
 260 265 270

Leu Ile Gly Gly Ser Ser Leu Met Trp Arg Tyr His His Gln Val Ser
 275 280 285

His His Ile His Cys Asn Asp Asn Ala Met Asp Gln Asp Val Tyr Thr
 290 295 300

Ala Met Pro Leu Leu Arg Phe Asp Ala Arg Arg Pro Lys Ser Trp Tyr
 305 310 315 320

His Arg Phe Gln Gln Trp Tyr Met Phe Leu Ala Phe Pro Leu Leu Gln
 325 330 335

Val Ala Phe Gln Val Gly Asp Ile Ala Ala Leu Phe Thr Arg Asp Thr
 340 345 350

Glu Gly Ala Lys Leu His Gly Ala Thr Thr Trp Glu Leu Thr Thr Val
 355 360 365

Val Leu Gly Lys Ile Val His Phe Gly Leu Leu Leu Gly Pro Leu Met
 370 375 380

Asn His Ala Val Ser Ser Val Leu Leu Gly Ile Val Gly Phe Met Ala
 385 390 395 400

Cys Gln Gly Ile Val Leu Ala Cys Thr Phe Ala Val Ser His Asn Val
 405 410 415

Ala Glu Ala Lys Ile Pro Glu Asp Thr Gly Gly Glu Ala Trp Glu Arg
420 425 430

Asp Trp Gly Val Gln Gln Leu Val Thr Ser Ala Asp Trp Gly Gly Lys
435 440 445

Ile Gly Asn Phe Phe Thr Gly Gly Leu Asn Leu Gln Val Glu His His
450 455 460

Leu Phe Pro Ala Ile Cys Phe Val His Tyr Pro Asp Ile Ala Lys Ile
465 470 475 480

Val Lys Glu Glu Ala Ala Lys Leu Asn Ile Pro Tyr Ala Ser Tyr Arg
485 490 495

Thr Leu Pro Gly Ile Phe Val Gln Phe Trp Arg Phe Met Lys Asp Met
500 505 510

Gly Thr Ala Glu Gln Ile Gly Glu Val Pro Leu Pro Lys Ile Pro Asn
515 520 525

Pro Gln Leu Ala Pro Lys Leu Ala
530 535

<210> 97
<211> 1455
<212> DNA
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1455)
<223> Delta-6-Desaturase

<400> 97	
atg gga aaa gga gga gac gca gcc gca gct acc aag cgt agt gga gca	48
Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala	
1 5 10 15	
ttg aaa ttg gcg gag aag ccg cag aag tac act tgg cag gag gtg aag	96
Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys	
20 25 30	
aag cac atc acc ccc gac gat gcc tgg gta gtc cac caa aac aaa gtc	144
Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val	
35 40 45	
tac gac gtc tcc aac tgg tac gac cac ccc ggt gga gcc gtg gtg ttc	192
Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe	
50 55 60	
acc cac gcc gga gac gac atg acg gac atc ttc gcc gcc ttc cac gcc	240
Thr His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala	
65 70 75 80	
caa ggc tct cag gcc atg atg aag aag ttt tac att gga gat ttg att	288
Gln Gly Ser Gln Ala Met Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Leu Ile	

152

	85	90	95	
ccg gag agt gtg gag cat aag gat caa aga cag ttg gat ttc gag aag				336
Pro Glu Ser Val Glu His Lys Asp Gln Arg Gln Leu Asp Phe Glu Lys				
	100	105	110	
gga tat cgt gat tta cgg gcc aag ctt gtc atg atg ggg atg ttc aag				384
Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ala Lys Leu Val Met Met Gly Met Phe Lys				
	115	120	125	
tcg agt aag atg tat tat gca tac aag tgc tcg ttc aat atg tgc atg				432
Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Ala Tyr Lys Cys Ser Phe Asn Met Cys Met				
	130	135	140	
tgg ttg gtg gcg gtg gcc atg gtg tac tac tcg gac agt ttg gca atg				480
Trp Leu Val Ala Val Ala Met Val Tyr Tyr Ser Asp Ser Leu Ala Met				
	145	150	155	160
cac att gga tcg gct ctc ttg ttg gga ttg ttc tgg cag cag tgt gga				528
His Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly				
	165	170	175	
tgg ctt gcg cac gac ttt ctt cac cac caa gtc ttt aag caa cga aag				576
Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Lys Gln Arg Lys				
	180	185	190	
tac gga gat ctc gtt gcc atc ttt tgg gga gat ctc atg cag ggg ttc				624
Tyr Gly Asp Leu Val Gly Ile Phe Trp Gly Asp Leu Met Gln Gly Phe				
	195	200	205	
tcg atg cag tgg tgg aag aac aag cac aat ggc cac cat gct gtt ccc				672
Ser Met Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro				
	210	215	220	
aac ttg cac aac tct tcc ttg gac agt cag gat ggt gat ccc gat att				720
Asn Leu His Asn Ser Ser Leu Asp Ser Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile				
	225	230	235	240
gat acc atg cca ctc ctt gct tgg agt ctc aag cag gct cag agt ttc				768
Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Lys Gln Ala Gln Ser Phe				
	245	250	255	
aga gag atc aat aag gga aag gac agt acc ttc gtc aag tac gct atc				816
Arg Glu Ile Asn Lys Gly Lys Asp Ser Thr Phe Val Lys Tyr Ala Ile				
	260	265	270	
aaa ttc cag gca ttc aca tac ttc ccc atc ctc ctc ttg gct cgc atc				864
Lys Phe Gln Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Ile				
	275	280	285	
tct tgg ttg aat gaa tcc ttc aaa act gca ttc gga ctc gga gct gcc				912
Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe Lys Thr Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala				
	290	295	300	
tcg gag aat gcc aag ttg gag ttg gag aag cgt gga ctt cag tac cca				960
Ser Glu Asn Ala Lys Leu Glu Leu Glu Lys Arg Gly Leu Gln Tyr Pro				
	305	310	315	320
ctt ttg gag aag ctt gga atc acc ctt cat tac act tgg atg ttc gtc				1008
Leu Leu Glu Lys Leu Gly Ile Thr Leu His Tyr Thr Trp Met Phe Val				
	325	330	335	
ctc tct tcc gga ttt gga agg tgg tct ctt cca tat tcc atc atg tat				1056
Leu Ser Ser Gly Phe Gly Arg Trp Ser Leu Pro Tyr Ser Ile Met Tyr				
	340	345	350	
ttc ttc act gcc aca tgc tcc tcg gga ctt ttc ctc gca ttg gtc ttt				1104
Phe Phe Thr Ala Thr Cys Ser Ser Gly Leu Phe Leu Ala Leu Val Phe				

355	360	365	
gga ttg gga cac aac ggt atg tca gtg tac gat gcc acc acc cga cct			1152
Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Asp Ala Thr Thr Arg Pro			
370	375	380	
gac ttc tgg caa ctc caa gtc acc act aca cgt aac atc att ggt gga			1200
Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly			
385	390	395	400
cac ggc att ccc caa ttc ttt gtg gat tgg ttc tgc ggt gga ttg caa			1248
His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln			
	405	410	415
tac caa gtg gat cac cac ctc ttc ccc atg atg cct aga aac aat atc			1296
Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile			
	420	425	430
gcg aaa tgc cac aag ctt gtg gag tca ttc tgt aag gag tgg ggt gtg			1344
Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val			
	435	440	445
aag tac cat gag gcc gat atg tgg gat ggt acc gtg gaa gtg ttg caa			1392
Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln			
	450	455	460
cat ctc tcc aag gtg tcg gat gat ttc ctt gtg gag atg gtg aag gat			1440
His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp			
	465	470	475
ttc cct gcc atg taa			1455
Phe Pro Ala Met			

<210> 98
 <211> 484
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 98

Met Gly Lys Gly Gly Asp Ala Ala Ala Ala Thr Lys Arg Ser Gly Ala
1 5 10 15

Leu Lys Leu Ala Glu Lys Pro Gln Lys Tyr Thr Trp Gln Glu Val Lys
20 25 30

Lys His Ile Thr Pro Asp Asp Ala Trp Val Val His Gln Asn Lys Val
35 40 45

Tyr Asp Val Ser Asn Trp Tyr Asp His Pro Gly Gly Ala Val Val Phe
50 55 60

Thr His Ala Gly Asp Asp Met Thr Asp Ile Phe Ala Ala Phe His Ala
65 70 75 80

Gln Gly Ser Gln Ala Met Met Lys Lys Phe Tyr Ile Gly Asp Leu Ile
85 90 95

Pro Glu Ser Val Glu His Lys Asp Gln Arg Gln Leu Asp Phe Glu Lys
100 105 110

Gly Tyr Arg Asp Leu Arg Ala Lys Leu Val Met Met Gly Met Phe Lys
 115 120 125

Ser Ser Lys Met Tyr Tyr Ala Tyr Lys Cys Ser Phe Asn Met Cys Met
 130 135 140

Trp Leu Val Ala Val Ala Met Val Tyr Tyr Ser Asp Ser Leu Ala Met
 145 150 155 160

His Ile Gly Ser Ala Leu Leu Leu Gly Leu Phe Trp Gln Gln Cys Gly
 165 170 175

Trp Leu Ala His Asp Phe Leu His His Gln Val Phe Lys Gln Arg Lys
 180 185 190

Tyr Gly Asp Leu Val Gly Ile Phe Trp Gly Asp Leu Met Gln Gly Phe
 195 200 205

Ser Met Gln Trp Trp Lys Asn Lys His Asn Gly His His Ala Val Pro
 210 215 220

Asn Leu His Asn Ser Ser Leu Asp Ser Gln Asp Gly Asp Pro Asp Ile
 225 230 235 240

Asp Thr Met Pro Leu Leu Ala Trp Ser Leu Lys Gln Ala Gln Ser Phe
 245 250 255

Arg Glu Ile Asn Lys Gly Lys Asp Ser Thr Phe Val Lys Tyr Ala Ile
 260 265 270

Lys Phe Gln Ala Phe Thr Tyr Phe Pro Ile Leu Leu Leu Ala Arg Ile
 275 280 285

Ser Trp Leu Asn Glu Ser Phe Lys Thr Ala Phe Gly Leu Gly Ala Ala
 290 295 300

Ser Glu Asn Ala Lys Leu Glu Leu Glu Lys Arg Gly Leu Gln Tyr Pro
 305 310 315 320

Leu Leu Glu Lys Leu Gly Ile Thr Leu His Tyr Thr Trp Met Phe Val
 325 330 335

Leu Ser Ser Gly Phe Gly Arg Trp Ser Leu Pro Tyr Ser Ile Met Tyr
 340 345 350

Phe Phe Thr Ala Thr Cys Ser Ser Gly Leu Phe Leu Ala Leu Val Phe
 355 360 365

Gly Leu Gly His Asn Gly Met Ser Val Tyr Asp Ala Thr Thr Arg Pro
 370 375 380

Asp Phe Trp Gln Leu Gln Val Thr Thr Thr Arg Asn Ile Ile Gly Gly
385 390 395 400

His Gly Ile Pro Gln Phe Phe Val Asp Trp Phe Cys Gly Gly Leu Gln
405 410 415

Tyr Gln Val Asp His His Leu Phe Pro Met Met Pro Arg Asn Asn Ile
420 425 430

Ala Lys Cys His Lys Leu Val Glu Ser Phe Cys Lys Glu Trp Gly Val
435 440 445

Lys Tyr His Glu Ala Asp Met Trp Asp Gly Thr Val Glu Val Leu Gln
450 455 460

His Leu Ser Lys Val Ser Asp Asp Phe Leu Val Glu Met Val Lys Asp
465 470 475 480

Phe Pro Ala Met

<210> 99
<211> 1431
<212> DNA
<213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(1431)
<223> Delta-5-Desaturase

<400> 99
atg ccc ccc aac gcc gat atc tcc cgc atc cgc aac cgc atc ccc acc 48
Met Pro Pro Asn Ala Asp Ile Ser Arg Ile Arg Asn Arg Ile Pro Thr
1 5 10 15
aaa aca ggt acc gtt gcc tct gcc gac aac aac gac ccc gcc acc caa 96
Lys Thr Gly Thr Val Ala Ser Ala Asp Asn Asn Asp Pro Ala Thr Gln
20 25 30
tcc gtc cga acc ctc aaa tct ctc aag ggc aac gag gtc gtc atc aac 144
Ser Val Arg Thr Leu Lys Ser Leu Lys Gly Asn Glu Val Val Ile Asn
35 40 45
ggc aca att tat gac att gct gac ttt gtc cat cct gga gga gag gtt 192
Gly Thr Ile Tyr Asp Ile Ala Asp Phe Val His Pro Gly Gly Glu Val
50 55 60
gtc aag ttc ttt ggt ggg aat gat gtt act att cag tat aat atg att 240
Val Lys Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Ile Gln Tyr Asn Met Ile
65 70 75 80
cat ccg tat cat acg ggg aaa cat ctg gag aag atg aag gct gtt gga 288
His Pro Tyr His Thr Gly Lys His Leu Glu Lys Met Lys Ala Val Gly
85 90 95
aag gtt gta gat tgg cag tgg gac tac aag ttc gac acc ccc ttt gaa 336
Lys Val Val Asp Trp Gln Ser Asp Tyr Lys Phe Asp Thr Pro Phe Glu

100	105	110	
cga gag atc aaa tca gaa gtg ttc aag atc gta cgt cgc ggg cgt gag			384
Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Arg Glu			
115	120	125	
ttc ggc aca aca ggc tac ttc ctc cgt gcc ttt ttc tac atc gct ctc			432
Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala Phe Phe Tyr Ile Ala Leu			
130	135	140	
ttc ttc acc atg caa tac act ttc gcc aca tgc acc acc ttc acc acc			480
Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr Cys Thr Thr Phe Thr Thr			
145	150	155	160
tac gat cac tgg tat cag agt ggt gta ttc atc gca att gtg ttt ggt			528
Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe Ile Ala Ile Val Phe Gly			
165	170	175	
att tca cag gca ttc att ggg ttg aat gtc cag cac gat gcc aat cac			576
Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val Gln His Asp Ala Asn His			
180	185	190	
gga gct gcc agt aag cgt ccc tgg gtg aat gac ttg ttg gga ttt gga			624
Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Leu Leu Gly Phe Gly			
195	200	205	
acg gat ttg att gga tct aac aaa tgg aat tgg atg gca cag cat tgg			672
Thr Asp Leu Ile Gly Ser Asn Lys Trp Asn Trp Met Ala Gln His Trp			
210	215	220	
act cat cac gct tac act aac cat agt gag aag gat ccc gat agc ttc			720
Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ser Glu Lys Asp Pro Asp Ser Phe			
225	230	235	240
agc tcg gaa cct atg ttt gca ttc aat gac tat ccc att gga cac ccg			768
Ser Ser Glu Pro Met Phe Ala Phe Asn Asp Tyr Pro Ile Gly His Pro			
245	250	255	
aag aga aag tgg tgg cat agg ttc .cag gga ggg tac ttc ctc ttc atg			816
Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly Gly Tyr Phe Leu Phe Met			
260	265	270	
ctt gga ctt tac tgg ctc tcg act gta ttc aat ccg caa ttc att gat			864
Leu Gly Leu Tyr Trp Leu Ser Thr Val Phe Asn Pro Gln Phe Ile Asp			
275	280	285	
ctt cgt caa cgt ggg gct cag tac gtc gga att caa atg gag aat gat			912
Leu Arg Gln Arg Gly Ala Gln Tyr Val Gly Ile Gln Met Glu Asn Asp			
290	295	300	
ttc att gtc aag agg agg aag tac gcc gtt gca ttg agg atg atg tac			960
Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Val Ala Leu Arg Met Met Tyr			
305	310	315	320
att tac ttg aac att gtc agc ccc ttc atg aac aat ggt ttg agc tgg			1008
Ile Tyr Leu Asn Ile Val Ser Pro Phe Met Asn Asn Gly Leu Ser Trp			
325	330	335	
tct acc ttt gga atc atc atg ttg atg gga atc agc gag agt ctc act			1056
Ser Thr Phe Gly Ile Ile Met Leu Met Gly Ile Ser Glu Ser Leu Thr			
340	345	350	
ctc agt gtg ctc ttc tcg ttg tct cac aac ttc atc aat tcg gat cgt			1104
Leu Ser Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Ile Asn Ser Asp Arg			
355	360	365	
gat cct acg gct gac ttc aaa aag acc gga gaa caa gtg tgc tgg ttc			1152
Asp Pro Thr Ala Asp Phe Lys Lys Thr Gly Glu Gln Val Cys Trp Phe			

370	375	380	
aag tcg cag gtg gag act tcg tct acc tat ggg ggt ttt att tcc gga			1200
Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr Gly Gly Phe Ile Ser Gly			
385	390	395	400
tgt ctt acg gga gga ctc aac ttt cag gtg gaa cat cat ctc ttt ccc			1248
Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro			
	405	410	415
cgt atg agc agt gct tgg tat cct tac att gca cct acg gtt cgt gag			1296
Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu			
	420	425	430
gtt tgc aag aag cac ggg gtg aac tac gct tat tat cct tgg att ggg			1344
Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly			
	435	440	445
cag aat ttg gta tca aca ttc aaa tac atg cat cgc gct ggt agt gga			1392
Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly			
	450	455	460
gcc aac tgg gag ctc aag ccg ttg tct gga agt gcc taa			1431
Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala			
465	470	475	
<210> 100			
<211> 476			
<212> PRT			
<213> Thalassiosira pseudonana			
<400> 100			
Met Pro Pro Asn Ala Asp Ile Ser Arg Ile Arg Asn Arg Ile Pro Thr			
1	5	10	15
Lys Thr Gly Thr Val Ala Ser Ala Asp Asn Asn Asp Pro Ala Thr Gln			
	20	25	30
Ser Val Arg Thr Leu Lys Ser Leu Lys Gly Asn Glu Val Val Ile Asn			
	35	40	45
Gly Thr Ile Tyr Asp Ile Ala Asp Phe Val His Pro Gly Gly Glu Val			
	50	55	60
Val Lys Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr Ile Gln Tyr Asn Met Ile			
	65	70	75
His Pro Tyr His Thr Gly Lys His Leu Glu Lys Met Lys Ala Val Gly			
	85	90	95
Lys Val Val Asp Trp Gln Ser Asp Tyr Lys Phe Asp Thr Pro Phe Glu			
	100	105	110
Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile Val Arg Arg Gly Arg Glu			
	115	120	125
Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala Phe Phe Tyr Ile Ala Leu			
	130	135	140

Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr Cys Thr Thr Phe Thr Thr
 145 150 155 160

Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe Ile Ala Ile Val Phe Gly
 165 170 175

Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val Gln His Asp Ala Asn His
 180 185 190

Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn Asp Leu Leu Gly Phe Gly
 195 200 205

Thr Asp Leu Ile Gly Ser Asn Lys Trp Asn Trp Met Ala Gln His Trp
 210 215 220

Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ser Glu Lys Asp Pro Asp Ser Phe
 225 230 235 240

Ser Ser Glu Pro Met Phe Ala Phe Asn Asp Tyr Pro Ile Gly His Pro
 245 250 255

Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly Gly Tyr Phe Leu Phe Met
 260 265 270

Leu Gly Leu Tyr Trp Leu Ser Thr Val Phe Asn Pro Gln Phe Ile Asp
 275 280 285

Leu Arg Gln Arg Gly Ala Gln Tyr Val Gly Ile Gln Met Glu Asn Asp
 290 295 300

Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Val Ala Leu Arg Met Met Tyr
 305 310 315 320

Ile Tyr Leu Asn Ile Val Ser Pro Phe Met Asn Asn Gly Leu Ser Trp
 325 330 335

Ser Thr Phe Gly Ile Ile Met Leu Met Gly Ile Ser Glu Ser Leu Thr
 340 345 350

Leu Ser Val Leu Phe Ser Leu Ser His Asn Phe Ile Asn Ser Asp Arg
 355 360 365

Asp Pro Thr Ala Asp Phe Lys Lys Thr Gly Glu Gln Val Cys Trp Phe
 370 375 380

Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr Gly Gly Phe Ile Ser Gly
 385 390 395 400

Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val Glu His His Leu Phe Pro
 405 410 415

Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Tyr Ile Ala Pro Thr Val Arg Glu
 420 425 430

Val Cys Lys Lys His Gly Val Asn Tyr Ala Tyr Tyr Pro Trp Ile Gly
 435 440 445

Gln Asn Leu Val Ser Thr Phe Lys Tyr Met His Arg Ala Gly Ser Gly
 450 455 460

Ala Asn Trp Glu Leu Lys Pro Leu Ser Gly Ser Ala
 465 470 475

<210> 101
 <211> 1449
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1449)
 <223> Delta-5-Desaturase

<400> 101
 atg cca ccc aac gcc gag gtc aaa aac ctc cgt tca cgt tcc atc cca 48
 Met Pro Pro Asn Ala Glu Val Lys Asn Leu Arg Ser Arg Ser Ile Pro
 1 5 10 15
 acg aag aag tcc agt tca tcg tca tcc acc gcg aac gac gat ccg gct 96
 Thr Lys Lys Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ala Asn Asp Asp Pro Ala
 20 25 30
 acc caa tcc acc tca cct gtg aac cga acc ctc aag tct ttg aat gga 144
 Thr Gln Ser Thr Ser Pro Val Asn Arg Thr Leu Lys Ser Leu Asn Gly
 35 40 45
 aac gaa ata gct att gac ggt gtc atc tat gat att gat ggc ttt gtc 192
 Asn Glu Ile Ala Ile Asp Gly Val Ile Tyr Asp Ile Asp Gly Phe Val
 50 55 60
 cat cct gga gga gag gtt att agc ttc ttt gga ggc aac gat gtg act 240
 His Pro Gly Gly Glu Val Ile Ser Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr
 65 70 75 80
 gta cag tac aaa atg att cat ccg tat cat aat agt aag cat ctc gag 288
 Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Asn Ser Lys His Leu Glu
 85 90 95
 aag atg aga gcc gtt gga aag att gca gac tac tcc aca gag tac aag 336
 Lys Met Arg Ala Val Gly Lys Ile Ala Asp Tyr Ser Thr Glu Tyr Lys
 100 105 110
 ttc gac aca ccc ttt gaa cga gag atc aaa tcc gaa gtg ttc aaa atc 384
 Phe Asp Thr Pro Phe Glu Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile
 115 120 125
 gtc cgt cga gga cgt gaa ttc ggt aca aca gga tat ttc ctc cgt gcc 432
 Val Arg Arg Gly Arg Glu Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala
 130 135 140
 ttc ttc tac att gct ctc ttc ttc acc atg caa tac acc ttc gcc aca 480
 Phe Phe Tyr Ile Ala Leu Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr

160

145	150	155	160	
tgc act acc ttc acc acc tac gat cat tgg tat caa agt ggt gta ttc				528
Cys Thr Thr Phe Thr Thr Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe	165	170	175	
atc gcc att gtg ttt ggt atc tca caa gct ttc att ggg ttg aat gta				576
Ile Ala Ile Val Phe Gly Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val	180	185	190	
caa cat gat gcc aat cac gga gct gct agc aaa cga cct tgg gtg aat				624
Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn	195	200	205	
gat ctc ctt gga tct gga gct gat ctc atc ggt gga tgc aaa tgg aac				672
Asp Leu Leu Gly Ser Gly Ala Asp Leu Ile Gly Gly Cys Lys Trp Asn	210	215	220	
tgg ttg gct cag cat tgg act cat cat gcg tat acc aat cac gct gat				720
Trp Leu Ala Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Asp	225	230	235	240
aaa gat cct gat agc ttt agt tcc gag ccg gtc ttc aac ttt aac gat				768
Lys Asp Pro Asp Ser Phe Ser Ser Glu Pro Val Phe Asn Phe Asn Asp	245	250	255	
tat ccc att ggt cac ccc aaa aga aag tgg tgg cat agg ttc caa ggg				816
Tyr Pro Ile Gly His Pro Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly	260	265	270	
ctc tac ttc cta atc atg ctg agt ttc tat tgg gta tcg atg gta ttc				864
Leu Tyr Phe Leu Ile Met Leu Ser Phe Tyr Trp Val Ser Met Val Phe	275	280	285	
aac cca caa gtt atc gac ctc cgt cat gct gga gct gcc tac gtt gga				912
Asn Pro Gln Val Ile Asp Leu Arg His Ala Gly Ala Tyr Val Gly	290	295	300	
ttt cag atg gag aac gac ttt atc gtc aaa cgg aga aag tat gca atg				960
Phe Gln Met Glu Asn Asp Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Met	305	310	315	320
gca ctt cgt gca atg tac ttc tat ttc aac atc tat tgt ccg att gtc				1008
Ala Leu Arg Ala Met Tyr Phe Tyr Phe Asn Ile Tyr Cys Pro Ile Val	325	330	335	
aac aat gga ttg act tgg tcg aca gtt gga atc atc ctc tta atg gga				1056
Asn Asn Gly Leu Thr Trp Ser Thr Val Gly Ile Ile Leu Leu Met Gly	340	345	350	
gtt agc gaa agc ttc atg ctc tcc ggt cta ttc gta ctc tca cac aac				1104
Val Ser Glu Ser Phe Met Leu Ser Gly Leu Phe Val Leu Ser His Asn	355	360	365	
ttt gaa aat tcc gaa cgt gat cct acc tct gag tat cgc aag act ggt				1152
Phe Glu Asn Ser Glu Arg Asp Pro Thr Ser Glu Tyr Arg Lys Thr Gly	370	375	380	
gag caa gta tgt tgg ttc aag tct caa gtg gag act tct tct acc tac				1200
Glu Gln Val Cys Trp Phe Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr	385	390	395	400
gga ggt atc gtt gct ggg tgt ctc act ggt gga ctc aac ttt caa gtg				1248
Gly Gly Ile Val Ala Gly Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val	405	410	415	
gag cat cat ttg ttc ccg agg atg agc agt gct tgg tat cct ttc atc				1296
Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Phe Ile				

420	425	430	
gcg ccg aag gtt aga gag att tgt aag aag cat gga gtt aga tac gct			1344
Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala			
435	440	445	
tac tat ccg tac atc tgg cag aac ttg cat tct acc gtg agt tac atg			1392
Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met			
450	455	460	
cat ggg acg gga acg gga gct aga tgg gag ctt cag ccg ttg tct gga			1440
His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly			
465	470	475	480
agg gcg tag			1449
Arg Ala			

<210> 102
 <211> 482
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 102

Met Pro Pro Asn Ala Glu Val Lys Asn Leu Arg Ser Arg Ser Ile Pro
1 5 10 15

Thr Lys Lys Ser Ser Ser Ser Ser Thr Ala Asn Asp Asp Pro Ala
20 25 30

Thr Gln Ser Thr Ser Pro Val Asn Arg Thr Leu Lys Ser Leu Asn Gly
35 40 45

Asn Glu Ile Ala Ile Asp Gly Val Ile Tyr Asp Ile Asp Gly Phe Val
50 55 60

His Pro Gly Gly Glu Val Ile Ser Phe Phe Gly Gly Asn Asp Val Thr
65 70 75 80

Val Gln Tyr Lys Met Ile His Pro Tyr His Asn Ser Lys His Leu Glu
85 90 95

Lys Met Arg Ala Val Gly Lys Ile Ala Asp Tyr Ser Thr Glu Tyr Lys
100 105 110

Phe Asp Thr Pro Phe Glu Arg Glu Ile Lys Ser Glu Val Phe Lys Ile
115 120 125

Val Arg Arg Gly Arg Glu Phe Gly Thr Thr Gly Tyr Phe Leu Arg Ala
130 135 140

Phe Phe Tyr Ile Ala Leu Phe Phe Thr Met Gln Tyr Thr Phe Ala Thr
145 150 155 160

Cys Thr Thr Phe Thr Thr Tyr Asp His Trp Tyr Gln Ser Gly Val Phe
165 170 175

Ile Ala Ile Val Phe Gly Ile Ser Gln Ala Phe Ile Gly Leu Asn Val
180 185 190

Gln His Asp Ala Asn His Gly Ala Ala Ser Lys Arg Pro Trp Val Asn
195 200 205

Asp Leu Leu Gly Ser Gly Ala Asp Leu Ile Gly Gly Cys Lys Trp Asn
210 215 220

Trp Leu Ala Gln His Trp Thr His His Ala Tyr Thr Asn His Ala Asp
225 230 235 240

Lys Asp Pro Asp Ser Phe Ser Ser Glu Pro Val Phe Asn Phe Asn Asp
245 250 255

Tyr Pro Ile Gly His Pro Lys Arg Lys Trp Trp His Arg Phe Gln Gly
260 265 270

Leu Tyr Phe Leu Ile Met Leu Ser Phe Tyr Trp Val Ser Met Val Phe
275 280 285

Asn Pro Gln Val Ile Asp Leu Arg His Ala Gly Ala Ala Tyr Val Gly
290 295 300

Phe Gln Met Glu Asn Asp Phe Ile Val Lys Arg Arg Lys Tyr Ala Met
305 310 315 320

Ala Leu Arg Ala Met Tyr Phe Tyr Phe Asn Ile Tyr Cys Pro Ile Val
325 330 335

Asn Asn Gly Leu Thr Trp Ser Thr Val Gly Ile Ile Leu Leu Met Gly
340 345 350

Val Ser Glu Ser Phe Met Leu Ser Gly Leu Phe Val Leu Ser His Asn
355 360 365

Phe Glu Asn Ser Glu Arg Asp Pro Thr Ser Glu Tyr Arg Lys Thr Gly
370 375 380

Glu Gln Val Cys Trp Phe Lys Ser Gln Val Glu Thr Ser Ser Thr Tyr
385 390 395 400

Gly Gly Ile Val Ala Gly Cys Leu Thr Gly Gly Leu Asn Phe Gln Val
405 410 415

Glu His His Leu Phe Pro Arg Met Ser Ser Ala Trp Tyr Pro Phe Ile
420 425 430

Ala Pro Lys Val Arg Glu Ile Cys Lys Lys His Gly Val Arg Tyr Ala
435 440 445

Tyr Tyr Pro Tyr Ile Trp Gln Asn Leu His Ser Thr Val Ser Tyr Met
 450 455 460

His Gly Thr Gly Thr Gly Ala Arg Trp Glu Leu Gln Pro Leu Ser Gly
 465 470 475 480

Arg Ala

<210> 103
 <211> 1512
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1512)
 <223> Delta-4-Desaturase

<400> 103
 atg tgc aac ggc aac ctc cca gca tcc acc gca cag ctc aag tcc acc 48
 Met Cys Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr
 1 5 10 15
 tcg aag ccc cag cag caa cat gag cat cgc acc atc tcc aag tcc gag 96
 Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu
 20 25 30
 ctc gcc caa cac aac acg ccc aaa tca gca tgg tgt gcc gtc cac tcc 144
 Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser
 35 40 45
 act ccc gcc acc gac cca tcc cac tcc aac aac aaa caa cac gca cac 192
 Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His
 50 55 60
 cta gtc ctc gac att acc gac ttt gcg tcc cgc cat cca ggg gga gac 240
 Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp
 65 70 75 80
 ctc atc ctc ctc gct tcc ggc aaa gac gcc tcg gtg ctg ttt gaa aca 288
 Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr
 85 90 95
 tac cat cca cgt gga gtt ccg acg tct ctc att caa aag ctg cag att 336
 Tyr His Pro Arg Gly Val Pro Thr Ser Leu Ile Gln Lys Leu Gln Ile
 100 105 110
 gga gtg atg gag gag gag gcg ttt cgg gat tcg ttt tac agt tgg act 384
 Gly Val Met Glu Glu Glu Ala Phe Arg Asp Ser Phe Tyr Ser Trp Thr
 115 120 125
 gat tct gac ttt tat act gtg ttg aag agg agg gtt gtg gag cgg ttg 432
 Asp Ser Asp Phe Tyr Thr Val Leu Lys Arg Arg Val Val Glu Arg Leu
 130 135 140
 gag gag agg ggg ttg gac agg agg gga tcg aaa gag att tgg atc aag 480
 Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys
 145 150 155 160
 gct ttg ttc ttg ttg gtt gga ttt tgg tac tgt ttg tac aag atg tat 528
 Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr

164

165	170	175	
act acg tcg gat atc gat cag tac ggt att gcc att gcc tat tct att Thr Thr Ser Asp Ile Asp Gln Tyr Gly Ile Ala Ile Ala Tyr Ser Ile 180 185 190			576
gga atg gga acc ttt gcg gca ttc atc ggc acg tgt att caa cac gat Gly Met Gly Thr Phe Ala Ala Phe Ile Gly Thr Cys Ile Gln His Asp 195 200 205			624
gga aat cac ggt gca ttc gct cag aac aag tta ctc aac aag ttg gct Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Asn Lys Leu Leu Asn Lys Leu Ala 210 215 220			672
ggg tgg acg ttg gat atg att ggt gcg agt gcg ttt acg tgg gag ctt Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Phe Thr Trp Glu Leu 225 230 235 240			720
cag cac atg ctg ggg cat cat cca tat acg aat gtg ttg gat ggg gtg Gln His Met Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Val Leu Asp Gly Val 245 250 255			768
gag gag gag agg aag gag agg ggg gag gat gtt gct ttg gaa gaa aag Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Gly Glu Asp Val Ala Leu Glu Glu Lys 260 265 270			816
gat cag gat ttt gaa gtt gcc aca tcc gga cga tta tat cat att gat Asp Gln Asp Phe Glu Val Ala Thr Ser Gly Arg Leu Tyr His Ile Asp 275 280 285			864
gcc aat gta cgt tat ggt tcg gta tgg aat gtc atg agg ttt tgg gct Ala Asn Val Arg Tyr Gly Ser Val Trp Asn Val Met Arg Phe Trp Ala 290 295 300			912
atg aag gtc att acg atg gga tat atg atg gga tta cca atc tac ttt Met Lys Val Ile Thr Met Gly Tyr Met Met Gly Leu Pro Ile Tyr Phe 305 310 315 320			960
cat gga gta ctg agg gga gtt gga ttg ttt gtt att ggg cat ttg gcg His Gly Val Leu Arg Gly Val Gly Leu Phe Val Ile Gly His Leu Ala 325 330 335			1008
tgt gga gag ttg ttg gcg acg atg ttt att gtg aat cac gtc att gag Cys Gly Glu Leu Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His Val Ile Glu 340 345 350			1056
ggt gtg agt tat gga acg aag gat ttg gtt ggt ggt gcg agt cat gta Gly Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Val 355 360 365			1104
gat gag aag aag att gtc aag cca acg act gta ttg gga gat aca cca Asp Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro 370 375 380			1152
atg gta aag act cgc gag gag gca ttg aaa agc aac agc aat aac aac Met Val Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn 385 390 395 400			1200
aag aag aag gga gag aag aac tcg gta cca tcc gtt cca ttc aac gac Lys Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp 405 410 415			1248
tgg gca gca gtc caa tgc cag acc tcc gtg aat tgg tct cca ggc tca Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser 420 425 430			1296
tgg ttc tgg aat cac ttt tct ggg gga ctc tct cat cag att gag cat Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His			1344

435	440	445	
cac ttg ttc ccc agc att tgt cat aca aac tac tgt cat atc cag gat			1392
His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp			
450	455	460	
gtt gtg gag agt acg tgt gct gag tac gga gtt ccg tat cag agt gag			1440
Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu			
465	470	475	480
agt aat ttg ttt gtt gct tat gga aag atg att agt cat ttg aag ttt			1488
Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe			
	485	490	495
ttg ggt aaa gcc aag tgt gag tag			1512
Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu			
500			

<210> 104
 <211> 503
 <212> PRT
 <213> Thalassiosira pseudonana

<400> 104

Met Cys Asn Gly Asn Leu Pro Ala Ser Thr Ala Gln Leu Lys Ser Thr	
1	15

Ser Lys Pro Gln Gln Gln His Glu His Arg Thr Ile Ser Lys Ser Glu	
20	30

Leu Ala Gln His Asn Thr Pro Lys Ser Ala Trp Cys Ala Val His Ser	
35	45

Thr Pro Ala Thr Asp Pro Ser His Ser Asn Asn Lys Gln His Ala His	
50	60

Leu Val Leu Asp Ile Thr Asp Phe Ala Ser Arg His Pro Gly Gly Asp	
65	80

Leu Ile Leu Leu Ala Ser Gly Lys Asp Ala Ser Val Leu Phe Glu Thr	
85	95

Tyr His Pro Arg Gly Val Pro Thr Ser Leu Ile Gln Lys Leu Gln Ile	
100	110

Gly Val Met Glu Glu Glu Ala Phe Arg Asp Ser Phe Tyr Ser Trp Thr	
115	125

Asp Ser Asp Phe Tyr Thr Val Leu Lys Arg Arg Val Val Glu Arg Leu	
130	140

Glu Glu Arg Gly Leu Asp Arg Arg Gly Ser Lys Glu Ile Trp Ile Lys	
145	160

Ala Leu Phe Leu Leu Val Gly Phe Trp Tyr Cys Leu Tyr Lys Met Tyr	
165	175

Thr Thr Ser Asp Ile Asp Gln Tyr Gly Ile Ala Ile Ala Tyr Ser Ile
 180 185 190

Gly Met Gly Thr Phe Ala Ala Phe Ile Gly Thr Cys Ile Gln His Asp
 195 200 205

Gly Asn His Gly Ala Phe Ala Gln Asn Lys Leu Leu Asn Lys Leu Ala
 210 215 220

Gly Trp Thr Leu Asp Met Ile Gly Ala Ser Ala Phe Thr Trp Glu Leu
 225 230 235 240

Gln His Met Leu Gly His His Pro Tyr Thr Asn Val Leu Asp Gly Val
 245 250 255

Glu Glu Glu Arg Lys Glu Arg Gly Glu Asp Val Ala Leu Glu Glu Lys
 260 265 270

Asp Gln Asp Phe Glu Val Ala Thr Ser Gly Arg Leu Tyr His Ile Asp
 275 280 285

Ala Asn Val Arg Tyr Gly Ser Val Trp Asn Val Met Arg Phe Trp Ala
 290 295 300

Met Lys Val Ile Thr Met Gly Tyr Met Met Gly Leu Pro Ile Tyr Phe
 305 310 315 320

His Gly Val Leu Arg Gly Val Gly Leu Phe Val Ile Gly His Leu Ala
 325 330 335

Cys Gly Glu Leu Leu Ala Thr Met Phe Ile Val Asn His Val Ile Glu
 340 345 350

Gly Val Ser Tyr Gly Thr Lys Asp Leu Val Gly Gly Ala Ser His Val
 355 360 365

Asp Glu Lys Lys Ile Val Lys Pro Thr Thr Val Leu Gly Asp Thr Pro
 370 375 380

Met Val Lys Thr Arg Glu Glu Ala Leu Lys Ser Asn Ser Asn Asn Asn
 385 390 395 400

Lys Lys Lys Gly Glu Lys Asn Ser Val Pro Ser Val Pro Phe Asn Asp
 405 410 415

Trp Ala Ala Val Gln Cys Gln Thr Ser Val Asn Trp Ser Pro Gly Ser
 420 425 430

Trp Phe Trp Asn His Phe Ser Gly Gly Leu Ser His Gln Ile Glu His
 435 440 445

His Leu Phe Pro Ser Ile Cys His Thr Asn Tyr Cys His Ile Gln Asp
 450 455 460

Val Val Glu Ser Thr Cys Ala Glu Tyr Gly Val Pro Tyr Gln Ser Glu
 465 470 475 480

Ser Asn Leu Phe Val Ala Tyr Gly Lys Met Ile Ser His Leu Lys Phe
 485 490 495

Leu Gly Lys Ala Lys Cys Glu
 500

<210> 105
 <211> 1257
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1257)
 <223> Omega-3-Desaturase

<400> 105
 atg tac aga tta aca tcc acc ttc ctc atc gca ttg gca ttc tcc tcc 48
 Met Tyr Arg Leu Thr Ser Thr Phe Leu Ile Ala Leu Ala Phe Ser Ser
 1 5 10 15
 tcc atc aat gcc ttc tct cca caa cgg cca cca cgt act atc acc aaa 96
 Ser Ile Asn Ala Phe Ser Pro Gln Arg Pro Pro Arg Thr Ile Thr Lys
 20 25 30
 agt aaa gtc caa agc acc gtg cta ccc ata ccg acc aag gat gat ctg 144
 Ser Lys Val Gln Ser Thr Val Leu Pro Ile Pro Thr Lys Asp Asp Leu
 35 40 45
 aac ttt ctc caa cca caa ctc gat gag aat gat ctc tac ctc gac gat 192
 Asn Phe Leu Gln Pro Gln Leu Asp Glu Asn Asp Leu Tyr Leu Asp Asp
 50 55 60
 gtc aac act cca cca aga gca ggt acc atc atg aag atg ttg ccg aag 240
 Val Asn Thr Pro Pro Arg Ala Gly Thr Ile Met Lys Met Leu Pro Lys
 65 70 75 80
 gaa acg ttc aac att gat aca gca act tca ttg ggt tac ttt ggt atg 288
 Glu Thr Phe Asn Ile Asp Thr Ala Thr Ser Leu Gly Tyr Phe Gly Met
 85 90 95
 gat atg gca gcg gtt gta tcg tcc atg acg ttg cta aat gct att gta 336
 Asp Met Ala Ala Val Val Ser Ser Met Thr Leu Leu Asn Ala Ile Val
 100 105 110
 act tcg gat cag tac cat gct ctt cca ctt cct ctc caa gca gca aca 384
 Thr Ser Asp Gln Tyr His Ala Leu Pro Leu Pro Leu Gln Ala Ala Thr
 115 120 125
 gtg att ccc ttt cag cta ttg gct ggg ttc gcc atg tgg tgt atg tgg 432
 Val Ile Pro Phe Gln Leu Leu Ala Gly Phe Ala Met Trp Cys Met Trp
 130 135 140
 tgc att gga cac gat gct gga cat tct act gtt tcg aag aca aag tgg 480
 Cys Ile Gly His Asp Ala Gly His Ser Thr Val Ser Lys Thr Lys Trp

168

145	150	155	160	
atc aac cga gtc gtt ggt gaa gtg gct cat tct gtt gtt tgt ctc acg				528
Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr				
	165	170	175	
ccg ttc gtg cct tgg cag atg tcg cat agg aaa cac cat ttg aat cac				576
Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His				
	180	185	190	
aat cat att gaa aag gac tac tct cat aag tgg tac agt cgc gac gag				624
Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu				
	195	200	205	
ttt gat gat atc cca caa ctc tat aag aca ttt ggc tac aac cca aga				672
Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg				
	210	215	220	
atg atg caa ctt cca ttc ctc tac ttc atg tat ctt gca ttg gga att				720
Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile				
	225	230	235	240
cca gat ggt ggg cat gtt gtg ttc tac gga aga atg tgg gaa gga gtg				768
Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val				
	245	250	255	
tca ttg cag aag aag ttt gat gct gct att tct gtg gcc gta tca tgt				816
Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys				
	260	265	270	
gca act gct gga tcg ctt tgg atg aat atg ggt aca gca gac ttc acg				864
Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr				
	275	280	285	
gtg gta tgc atg gtt cct tgg cta gtt cta tcg tgg tgg ctc ttc atg				912
Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met				
	290	295	300	
gta aca tac ctt cag cat cat tca gaa gac gga aag cta tac act gat				960
Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp				
	305	310	315	320
gaa acg ttt aca ttt gaa aag gga gcc ttc gag acc gtg gat cgt tcg				1008
Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser				
	325	330	335	
tac ggc aag ttg atc aac cga atg tcg cat cac atg atg gac ggt cac				1056
Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His				
	340	345	350	
gtg gtg cac cac ttg ttc ttt gaa cgt gta cct cac tac aga tta gag				1104
Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu				
	355	360	365	
gca gct acc gaa gct ctt gtg aaa gga atg gat gaa acg gga cag aaa				1152
Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys				
	370	375	380	
cat ttg tac aaa tac att gat act cct gat ttc aat gcc gag att gtc				1200
His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val				
	385	390	395	400
aac gga ttt cgc gac aat tgg ttc ctt gtt gaa gag gag aac atc aaa				1248
Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys				
	405	410	415	
agg gag tag				1257
Arg Glu				

<210> 106
 <211> 418
 <212> PRT
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<400> 106

Met Tyr Arg Leu Thr Ser Thr Phe Leu Ile Ala Leu Ala Phe Ser Ser
 1 5 10 15

Ser Ile Asn Ala Phe Ser Pro Gln Arg Pro Pro Arg Thr Ile Thr Lys
 20 25 30

Ser Lys Val Gln Ser Thr Val Leu Pro Ile Pro Thr Lys Asp Asp Leu
 35 40 45

Asn Phe Leu Gln Pro Gln Leu Asp Glu Asn Asp Leu Tyr Leu Asp Asp
 50 55 60

Val Asn Thr Pro Pro Arg Ala Gly Thr Ile Met Lys Met Leu Pro Lys
 65 70 75 80

Glu Thr Phe Asn Ile Asp Thr Ala Thr Ser Leu Gly Tyr Phe Gly Met
 85 90 95

Asp Met Ala Ala Val Val Ser Ser Met Thr Leu Leu Asn Ala Ile Val
 100 105 110

Thr Ser Asp Gln Tyr His Ala Leu Pro Leu Pro Leu Gln Ala Ala Thr
 115 120 125

Val Ile Pro Phe Gln Leu Leu Ala Gly Phe Ala Met Trp Cys Met Trp
 130 135 140

Cys Ile Gly His Asp Ala Gly His Ser Thr Val Ser Lys Thr Lys Trp
 145 150 155 160

Ile Asn Arg Val Val Gly Glu Val Ala His Ser Val Val Cys Leu Thr
 165 170 175

Pro Phe Val Pro Trp Gln Met Ser His Arg Lys His His Leu Asn His
 180 185 190

Asn His Ile Glu Lys Asp Tyr Ser His Lys Trp Tyr Ser Arg Asp Glu
 195 200 205

Phe Asp Asp Ile Pro Gln Leu Tyr Lys Thr Phe Gly Tyr Asn Pro Arg
 210 215 220

Met Met Gln Leu Pro Phe Leu Tyr Phe Met Tyr Leu Ala Leu Gly Ile
 225 230 235 240

Pro Asp Gly Gly His Val Val Phe Tyr Gly Arg Met Trp Glu Gly Val
 245 250 255

Ser Leu Gln Lys Lys Phe Asp Ala Ala Ile Ser Val Ala Val Ser Cys
 260 265 270

Ala Thr Ala Gly Ser Leu Trp Met Asn Met Gly Thr Ala Asp Phe Thr
 275 280 285

Val Val Cys Met Val Pro Trp Leu Val Leu Ser Trp Trp Leu Phe Met
 290 295 300

Val Thr Tyr Leu Gln His His Ser Glu Asp Gly Lys Leu Tyr Thr Asp
 305 310 315 320

Glu Thr Phe Thr Phe Glu Lys Gly Ala Phe Glu Thr Val Asp Arg Ser
 325 330 335

Tyr Gly Lys Leu Ile Asn Arg Met Ser His His Met Met Asp Gly His
 340 345 350

Val Val His His Leu Phe Phe Glu Arg Val Pro His Tyr Arg Leu Glu
 355 360 365

Ala Ala Thr Glu Ala Leu Val Lys Gly Met Asp Glu Thr Gly Gln Lys
 370 375 380

His Leu Tyr Lys Tyr Ile Asp Thr Pro Asp Phe Asn Ala Glu Ile Val
 385 390 395 400

Asn Gly Phe Arg Asp Asn Trp Phe Leu Val Glu Glu Glu Asn Ile Lys
 405 410 415

Arg Glu

<210> 107
 <211> 1086
 <212> DNA
 <213> *Ostreococcus tauri*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1086)
 <223> Delta-12-Desaturase

<400> 107
 atg cag gag ggg gtg cga aac att ccg aac gag tgc ttt gag acg gga
 Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
 1 5 10 15

cat ctt gaa aga ccc tgg cgt tcc ggc cgg tgt ggg cgc gat ccc ggt
 His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly

48

96

20	25	30	
tcg aat tgg ggc gct ggc ttc cgc ttt ttt tgc ctc aag ggg ttt tgg			144
Ser Asn Trp Gly Ala Gly Phe Arg Phe Phe Ser Leu Lys Gly Phe Trp			
35	40	45	
tgg ccg gcg tgg tgg gcg tac gcg ttc gtg acg ggg acg gcg gcc act			192
Trp Pro Ala Trp Trp Ala Phe Val Thr Gly Thr Ala Ala Thr			
50	55	60	
ggg tgt tgg gtc gcc gcg cac gag tgc ggg cac ggc gcg ttc agc gat			240
Gly Cys Trp Val Ala Ala His Glu Cys Gly His Gly Ala Phe Ser Asp			
65	70	75	80
aac aag acg ttg caa gat gcg gtt gga tac gtg ttg cac tcg ttg ctc			288
Asn Lys Thr Leu Gln Asp Ala Val Gly Tyr Val Leu His Ser Leu Leu			
85	90	95	
ttg gtg ccg tac ttt tct tgg cag cga tca cac gcg gtg cat cac tcg			336
Leu Val Pro Tyr Phe Ser Trp Gln Arg Ser His Ala Val His His Ser			
100	105	110	
agg acg aat cac gtt ctt gag ggc gag acg cac gtg ccg gcg cgc ttg			384
Arg Thr Asn His Val Leu Glu Gly Glu Thr His Val Pro Ala Arg Leu			
115	120	125	
ggg acg gaa gac gcc aac gtc gtg ttc aag ctt cgc gaa ttg atc ggt			432
Gly Thr Glu Asp Ala Asn Val Val Phe Lys Leu Arg Glu Leu Ile Gly			
130	135	140	
gaa ggg ccg ttc acg ttt ttc aac ctc gtc ggc gtc ttc gcg ctc gga			480
Glu Gly Pro Phe Thr Phe Phe Asn Leu Val Gly Val Phe Ala Leu Gly			
145	150	155	160
tgg ccg att tac ttg ctc acc ggc gcg agc ggc gga ccg gtg cgc ggt			528
Trp Pro Ile Tyr Leu Leu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Pro Val Arg Gly			
165	170	175	
aac acg aac cac ttc tta ccc ttc atg ggc gag aaa ggt aag cac gcg			576
Asn Thr Asn His Phe Leu Pro Phe Met Gly Glu Lys Gly Lys His Ala			
180	185	190	
ctg ttc ccg ggt aag tgg gcg aag aag gtg tgg cag tct gac atc ggc			624
Leu Phe Pro Gly Lys Trp Ala Lys Lys Val Trp Gln Ser Asp Ile Gly			
195	200	205	
gtt gtt gcc gtc ctg ggc gcg ctc gcg gct tgg gcg gcg cac agc ggg			672
Val Val Ala Val Leu Gly Ala Leu Ala Ala Trp Ala Ala His Ser Gly			
210	215	220	
att gcc aca gtg atg gca ctc tac gtc ggc ccg tac atg gtg acc aac			720
Ile Ala Thr Val Met Ala Leu Tyr Val Gly Pro Tyr Met Val Thr Asn			
225	230	235	240
ttt tgg ctc gtc ttg tac acg tgg tta cag cac acc gac gtt gac gtg			768
Phe Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Thr Asp Val Asp Val			
245	250	255	
ccg cac ttc gag ggc gac gat tgg aac ttg gtc aag ggg gca ttc atg			816
Pro His Phe Glu Gly Asp Asp Trp Asn Leu Val Lys Gly Ala Phe Met			
260	265	270	
acg atc gat cgc ccg tac ggc cca gtt ttt gat ttc ttg cac cac cgc			864
Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Pro Val Phe Asp Phe Leu His His Arg			
275	280	285	
atc ggc agc acg cac gtc gcg cac cac atc aac aca cca ttc ccg cat			912
Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Ile Asn Thr Pro Phe Pro His			

290 295 300
 tac aag gct caa atg gcg acg gat gcg cta aag gag gcg tat ccc gac 960
 Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
 305 310 315 320
 ctc tac ctt tac gat cca act ccg atc gcg acc gct acg tgg cgc gtg 1008
 Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
 325 330 335
 ggg agc aag tgc atc gcc gtc gtg aag aag gga gac gaa tgg gtg ttc 1056
 Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
 340 345 350
 acg gat aag caa ctc ccg gtc gcg gcg tga 1086
 Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
 355 360

 <210> 108
 <211> 361
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

 <400> 108
 Met Gln Glu Gly Val Arg Asn Ile Pro Asn Glu Cys Phe Glu Thr Gly
 1 5 10 15
 His Leu Glu Arg Pro Trp Arg Ser Gly Arg Cys Gly Arg Asp Pro Gly
 20 25 30
 Ser Asn Trp Gly Ala Gly Phe Arg Phe Phe Ser Leu Lys Gly Phe Trp
 35 40 45
 Trp Pro Ala Trp Trp Ala Tyr Ala Phe Val Thr Gly Thr Ala Ala Thr
 50 55 60
 Gly Cys Trp Val Ala Ala His Glu Cys Gly His Gly Ala Phe Ser Asp
 65 70 75 80
 Asn Lys Thr Leu Gln Asp Ala Val Gly Tyr Val Leu His Ser Leu Leu
 85 90 95
 Leu Val Pro Tyr Phe Ser Trp Gln Arg Ser His Ala Val His His Ser
 100 105 110
 Arg Thr Asn His Val Leu Glu Gly Glu Thr His Val Pro Ala Arg Leu
 115 120 125
 Gly Thr Glu Asp Ala Asn Val Val Phe Lys Leu Arg Glu Leu Ile Gly
 130 135 140
 Glu Gly Pro Phe Thr Phe Phe Asn Leu Val Gly Val Phe Ala Leu Gly
 145 150 155 160
 Trp Pro Ile Tyr Leu Leu Thr Gly Ala Ser Gly Gly Pro Val Arg Gly
 165 170 175

Asn Thr Asn His Phe Leu Pro Phe Met Gly Glu Lys Gly Lys His Ala
 180 185 190

Leu Phe Pro Gly Lys Trp Ala Lys Lys Val Trp Gln Ser Asp Ile Gly
 195 200 205

Val Val Ala Val Leu Gly Ala Leu Ala Ala Trp Ala Ala His Ser Gly
 210 215 220

Ile Ala Thr Val Met Ala Leu Tyr Val Gly Pro Tyr Met Val Thr Asn
 225 230 235 240

Phe Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Thr Asp Val Asp Val
 245 250 255

Pro His Phe Glu Gly Asp Asp Trp Asn Leu Val Lys Gly Ala Phe Met
 260 265 270

Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Pro Val Phe Asp Phe Leu His His Arg
 275 280 285

Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Ile Asn Thr Pro Phe Pro His
 290 295 300

Tyr Lys Ala Gln Met Ala Thr Asp Ala Leu Lys Glu Ala Tyr Pro Asp
 305 310 315 320

Leu Tyr Leu Tyr Asp Pro Thr Pro Ile Ala Thr Ala Thr Trp Arg Val
 325 330 335

Gly Ser Lys Cys Ile Ala Val Val Lys Lys Gly Asp Glu Trp Val Phe
 340 345 350

Thr Asp Lys Gln Leu Pro Val Ala Ala
 355 360

<210> 109
 <211> 1305
 <212> DNA
 <213> *Thalassiosira pseudonana*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(1305)
 <223> Delta-12-Desaturase

<400> 109
 atg gga aag gga gga aga tca gta acc cgc gct caa aca gca gaa aag
 Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
 1 5 10 15

tca gca cac acc atc caa acc ttc acc gac ggc cga tgg gtc tcc ccc
 Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro

48

96

20	25	30	
tac aac ccc ctc gca aaa gat gca cct gaa ctc ccc tcc aag ggt gaa			144
Tyr Asn Pro Leu Ala Lys Asp Ala Pro Glu Leu Pro Ser Lys Gly Glu			
35	40	45	
atc aag gcg gtc atc ccc aaa gag tgc ttc gaa cga agc tac ctc cac			192
Ile Lys Ala Val Ile Pro Lys Glu Cys Phe Glu Arg Ser Tyr Leu His			
50	55	60	
tcc atg tac ttc gtc ctc cgt gac acc gtc atg gcc gtg gcc tgc gcc			240
Ser Met Tyr Phe Val Leu Arg Asp Thr Val Met Ala Val Ala Cys Ala			
65	70	75	80
tac atc gcc cac tca acg ctc tcc acc gat att ccc tcc gag tta ctg			288
Tyr Ile Ala His Ser Thr Leu Ser Thr Asp Ile Pro Ser Glu Leu Leu			
85	90	95	
agc gtg gac gca ctc aaa tgg ttc ctc gga tgg aac acc tac gcc ttt			336
Ser Val Asp Ala Leu Lys Trp Phe Leu Gly Trp Asn Thr Tyr Ala Phe			
100	105	110	
tgg atg ggg tgc att ctc acc gga cac tgg gtc cta gcc cat gaa tgt			384
Trp Met Gly Cys Ile Leu Thr Gly His Trp Val Leu Ala His Glu Cys			
115	120	125	
gga cat ggt gca ttc tct ccc tct cag acg ttt aat gac ttt tgg ggg			432
Gly His Gly Ala Phe Ser Pro Ser Gln Thr Phe Asn Asp Phe Trp Gly			
130	135	140	
ttc att atg cat cag gcg gtg ttg gtt ccg tat ttc gcc tgg cag tac			480
Phe Ile Met His Gln Ala Val Leu Val Pro Tyr Phe Ala Trp Gln Tyr			
145	150	155	160
tct cat gcg aag cat cat cga cgt acc aac aac att atg gat ggg gag			528
Ser His Ala Lys His His Arg Arg Thr Asn Asn Ile Met Asp Gly Glu			
165	170	175	
agc cat gtg ccc aat atc gcc aag gaa atg gga ttg aac gag aag aat			576
Ser His Val Pro Asn Ile Ala Lys Glu Met Gly Leu Asn Glu Lys Asn			
180	185	190	
gag cgc agt gga gga tat gcc gcc att cat gag gct att gga gat gga			624
Glu Arg Ser Gly Gly Tyr Ala Ala Ile His Glu Ala Ile Gly Asp Gly			
195	200	205	
ccc ttt gcg atg ttt caa atc ttt gct cac ttg gtg atc ggg tgg cct			672
Pro Phe Ala Met Phe Gln Ile Phe Ala His Leu Val Ile Gly Trp Pro			
210	215	220	
att tac ttg atg gga ttt gct tcc act gga cgt ctc ggt cag gat ggg			720
Ile Tyr Leu Met Gly Phe Ala Ser Thr Gly Arg Leu Gly Gln Asp Gly			
225	230	235	240
aag gaa ctt cag gct gga gag atc atc gac cat tac cgt cct tgg agt			768
Lys Glu Leu Gln Ala Gly Glu Ile Ile Asp His Tyr Arg Pro Trp Ser			
245	250	255	
aag atg ttc ccc acc aag ttg cga ttc aaa att gct ctt tcg aca ctt			816
Lys Met Phe Pro Thr Lys Leu Arg Phe Lys Ile Ala Leu Ser Thr Leu			
260	265	270	
gga gtg att gcc gcc tgg gtt ggg ttg tac ttt gct gca caa gag tat			864
Gly Val Ile Ala Ala Trp Val Gly Leu Tyr Phe Ala Ala Gln Glu Tyr			
275	280	285	
gga gtc ttg ccc gtg gtt ctt tgg tac att ggc cca ctc atg tgg aat			912
Gly Val Leu Pro Val Val Leu Trp Tyr Ile Gly Pro Leu Met Trp Asn			

290	295	300	
cag gcg tgg ctt gtg ctc tac act tgg ctt cag cac aat gat ccc tcc			960
Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser			
305	310	315	320
gtg cct caa tat gga agt gac gaa tgg aca tgg gtc aag gga gct ttg			1008
Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu			
	325	330	335
tcg acg att gat cgc ccg tat ggt atc ttt gac ttc ttc cat cac aag			1056
Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys			
	340	345	350
att gga agc act cac gta gct cat cat ttg ttc cac gag atg cca ttt			1104
Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe			
	355	360	365
tac aag gcg gat gtg gct act gcg tcg atc aag ggt ttc ttg gag ccg			1152
Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro			
	370	375	380
aag gga ctt tac aac tat gat cca acg cct tgg tat gtg gcc atg tgg			1200
Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp			
	385	390	400
agg gtg gcc aag act tgt cat tat att gag gat gtg gat gga gtt cag			1248
Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln			
	405	410	415
tat tat aag agt ttg gag gat gtg cct ttg aag aag gat gcc aag aag			1296
Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys			
	420	425	430
tct gat tag			1305
Ser Asp			

<210> 110
 <211> 434
 <212> PRT
 <213> Thalassiosira pseudonana

<400> 110

Met Gly Lys Gly Gly Arg Ser Val Thr Arg Ala Gln Thr Ala Glu Lys
1 5 10 15

Ser Ala His Thr Ile Gln Thr Phe Thr Asp Gly Arg Trp Val Ser Pro
20 25 30

Tyr Asn Pro Leu Ala Lys Asp Ala Pro Glu Leu Pro Ser Lys Gly Glu
35 40 45

Ile Lys Ala Val Ile Pro Lys Glu Cys Phe Glu Arg Ser Tyr Leu His
50 55 60

Ser Met Tyr Phe Val Leu Arg Asp Thr Val Met Ala Val Ala Cys Ala
65 70 75 80

Tyr Ile Ala His Ser Thr Leu Ser Thr Asp Ile Pro Ser Glu Leu Leu
85 90 95

Ser Val Asp Ala Leu Lys Trp Phe Leu Gly Trp Asn Thr Tyr Ala Phe
 100 105 110

Trp Met Gly Cys Ile Leu Thr Gly His Trp Val Leu Ala His Glu Cys
 115 120 125

Gly His Gly Ala Phe Ser Pro Ser Gln Thr Phe Asn Asp Phe Trp Gly
 130 135 140

Phe Ile Met His Gln Ala Val Leu Val Pro Tyr Phe Ala Trp Gln Tyr
 145 150 155 160

Ser His Ala Lys His His Arg Arg Thr Asn Asn Ile Met Asp Gly Glu
 165 170 175

Ser His Val Pro Asn Ile Ala Lys Glu Met Gly Leu Asn Glu Lys Asn
 180 185 190

Glu Arg Ser Gly Gly Tyr Ala Ala Ile His Glu Ala Ile Gly Asp Gly
 195 200 205

Pro Phe Ala Met Phe Gln Ile Phe Ala His Leu Val Ile Gly Trp Pro
 210 215 220

Ile Tyr Leu Met Gly Phe Ala Ser Thr Gly Arg Leu Gly Gln Asp Gly
 225 230 235 240

Lys Glu Leu Gln Ala Gly Glu Ile Ile Asp His Tyr Arg Pro Trp Ser
 245 250 255

Lys Met Phe Pro Thr Lys Leu Arg Phe Lys Ile Ala Leu Ser Thr Leu
 260 265 270

Gly Val Ile Ala Ala Trp Val Gly Leu Tyr Phe Ala Ala Gln Glu Tyr
 275 280 285

Gly Val Leu Pro Val Val Leu Trp Tyr Ile Gly Pro Leu Met Trp Asn
 290 295 300

Gln Ala Trp Leu Val Leu Tyr Thr Trp Leu Gln His Asn Asp Pro Ser
 305 310 315 320

Val Pro Gln Tyr Gly Ser Asp Glu Trp Thr Trp Val Lys Gly Ala Leu
 325 330 335

Ser Thr Ile Asp Arg Pro Tyr Gly Ile Phe Asp Phe Phe His His Lys
 340 345 350

Ile Gly Ser Thr His Val Ala His His Leu Phe His Glu Met Pro Phe
 355 360 365

Tyr Lys Ala Asp Val Ala Thr Ala Ser Ile Lys Gly Phe Leu Glu Pro
370 375 380

Lys Gly Leu Tyr Asn Tyr Asp Pro Thr Pro Trp Tyr Val Ala Met Trp
385 390 395 400

Arg Val Ala Lys Thr Cys His Tyr Ile Glu Asp Val Asp Gly Val Gln
405 410 415

Tyr Tyr Lys Ser Leu Glu Asp Val Pro Leu Lys Lys Asp Ala Lys Lys
420 425 430

Ser Asp

<210> 111
<211> 879
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(879)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 111
atg agt ggc tta cgt gca ccc aac ttt tta cac aga ttc tgg aca aag 48
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe Leu His Arg Phe Trp Thr Lys
1 5 10 15
tgg gac tac gcg att tcc aaa gtc gtc ttc acg tgt gcc gac agt ttt 96
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe
20 25 30
cag tgg gac atc ggg cca gtg agt tgg agt acg gcg cat tta ccc gcc 144
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser Ser Thr Ala His Leu Pro Ala
35 40 45
att gaa tcc cct acc cca ctg gtg act agc ctc ttg ttc tac tta gtc 192
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val
50 55 60
aca gtt ttc ttg tgg tat ggt cgt tta acc agg agt tca gac aag aaa 240
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys
65 70 75 80
att aga gag cct acg tgg tta aga aga ttc ata ata tgt cat aat gcg 288
Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
85 90 95
ttc ttg ata gtc ctc agt ctt tac atg tgc ctt ggt tgt gtg gcc caa 336
Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
100 105 110
gcg tat cag aat gga tat act tta tgg ggt aat gaa ttc aag gcc acg 384
Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
115 120 125
gaa act cag ctt gct ctc tac att tac att ttt tac gta agt aaa ata 432
Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile

130	135	140	
tac gag ttt gta gat act	tac att atg ctt ctc aag aat aac ttg cgg		480
Tyr Glu Phe Val Asp Thr	Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg		
145	150	155	160
caa gta agt ttc cta cac att tat cac	cac agc acg att tcc ttt att		528
Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His	His Ser Thr Ile Ser Phe Ile		
	165	170	175
tgg tgg atc att gct cgg agg gct cgg	ggt ggt gat gct tac ttc agc		576
Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala	Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser		
	180	185	190
gcg gcc ttg aac tca tgg gta cac gtg	tgc atg tac acc tat tat cta		624
Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val	Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu		
	195	200	205
tta tca acc ctt att gga aaa gaa gat	cct aag cgt tcc aac tac ctt		672
Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp	Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu		
	210	215	220
tgg tgg ggt cgc cac cta acg caa atg	cag atg ctt cag ttt ttc ttc		720
Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met	Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe		
	225	230	235
aac gta ctt caa gcg ttg tac tgc gct	tgc ttc tct acg tat ccc aag		768
Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala	Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys		
	245	250	255
ttt ttg tcc aaa att ctg ctc gtc tat	atg atg agc ctt ctc ggc ttg		816
Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr	Met Met Ser Leu Leu Gly Leu		
	260	265	270
ttt ggg cat ttc tac tat tcc aag cac	ata gca gca gct aag ctc cag		864
Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His	Ile Ala Ala Lys Leu Gln		
	275	280	285
aaa aaa cag cag tga			879
Lys Lys Gln Gln			
	290		
<210> 112			
<211> 292			
<212> PRT			
<213> Ostreococcus tauri			
<400> 112			
Met Ser Gly Leu Arg Ala Pro Asn Phe	Leu His Arg Phe Trp Thr Lys		
1	5	10	15
Trp Asp Tyr Ala Ile Ser Lys Val Val	Phe Thr Cys Ala Asp Ser Phe		
	20	25	30
Gln Trp Asp Ile Gly Pro Val Ser Ser	Ser Thr Ala His Leu Pro Ala		
	35	40	45
Ile Glu Ser Pro Thr Pro Leu Val Thr	Ser Leu Leu Phe Tyr Leu Val		
	50	55	60
Thr Val Phe Leu Trp Tyr Gly Arg Leu	Thr Arg Ser Ser Asp Lys Lys		
	65	70	75
			80

Ile Arg Glu Pro Thr Trp Leu Arg Arg Phe Ile Ile Cys His Asn Ala
85 90 95

Phe Leu Ile Val Leu Ser Leu Tyr Met Cys Leu Gly Cys Val Ala Gln
100 105 110

Ala Tyr Gln Asn Gly Tyr Thr Leu Trp Gly Asn Glu Phe Lys Ala Thr
115 120 125

Glu Thr Gln Leu Ala Leu Tyr Ile Tyr Ile Phe Tyr Val Ser Lys Ile
130 135 140

Tyr Glu Phe Val Asp Thr Tyr Ile Met Leu Leu Lys Asn Asn Leu Arg
145 150 155 160

Gln Val Ser Phe Leu His Ile Tyr His His Ser Thr Ile Ser Phe Ile
165 170 175

Trp Trp Ile Ile Ala Arg Arg Ala Pro Gly Gly Asp Ala Tyr Phe Ser
180 185 190

Ala Ala Leu Asn Ser Trp Val His Val Cys Met Tyr Thr Tyr Tyr Leu
195 200 205

Leu Ser Thr Leu Ile Gly Lys Glu Asp Pro Lys Arg Ser Asn Tyr Leu
210 215 220

Trp Trp Gly Arg His Leu Thr Gln Met Gln Met Leu Gln Phe Phe Phe
225 230 235 240

Asn Val Leu Gln Ala Leu Tyr Cys Ala Ser Phe Ser Thr Tyr Pro Lys
245 250 255

Phe Leu Ser Lys Ile Leu Leu Val Tyr Met Met Ser Leu Leu Gly Leu
260 265 270

Phe Gly His Phe Tyr Tyr Ser Lys His Ile Ala Ala Ala Lys Leu Gln
275 280 285

Lys Lys Gln Gln
290

<210> 113
<211> 903
<212> DNA
<213> *Ostreococcus tauri*

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(903)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 113
 atg agc gcc tcc ggt gcg ctg ctg ccc gcg atc gcg ttc gcc gcg tac 48
 Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
 1 5 10 15
 gcg tac gcg acg tac gcc tac gcc ttt gag tgg tcg cac gcg aat ggc 96
 Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30
 atc gac aac gtc gac gcg cgc gag tgg atc ggt gcg ctg tcg ttg agg 144
 Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45
 ctc ccg gcg atc gcg acg acg atg tac ctg ttg ttc tgc ctg gtc gga 192
 Leu Pro Ala Ile Ala Thr Met Tyr Leu Phe Cys Leu Val Gly
 50 55 60
 ccg agg ttg atg gcg aag cgc gag gcg ttc gac ccg aag ggg ttc atg 240
 Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
 65 70 75 80
 ctg gcg tac aat gcg tat cag acg gcg ttc aac gtc gtc gtg ctc ggg 288
 Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
 85 90 95
 atg ttc gcg cga gag atc tcg ggg ctg ggg cag ccc gtg tgg ggg tca 336
 Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
 100 105 110
 acc atg ccg tgg agc gat aga aaa tcg ttt aag atc ctc ctc ggg gtg 384
 Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
 115 120 125
 tgg ttg cac tac aac aac aaa tat ttg gag cta ttg gac act gtg ttc 432
 Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
 130 135 140
 atg gtt gcg cgc aag aag acg aag cag ttg agc ttc ttg cac gtt tat 480
 Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
 145 150 155 160
 cat cac gcc ctg ttg atc tgg gcg tgg tgg ttg gtg tgt cac ttg atg 528
 His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
 165 170 175
 gcc acg aac gat tgt atc gat gcc tac ttc ggc gcg gcg tgc aac tcg 576
 Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
 180 185 190
 ttc att cac atc gtg atg tac tcg tat tat ctc atg tcg gcg ctc ggc 624
 Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
 195 200 205
 att cga tgc ccg tgg aag cga tac atc acc cag gct caa atg ctc caa 672
 Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
 210 215 220
 ttc gtc att gtc ttc gcg cac gcc gtg ttc gtg ctg cgt cag aag cac 720
 Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
 225 230 235 240
 tgc ccg gtc acc ctt cct tgg gcg caa atg ttc gtc atg acg aac atg 768
 Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
 245 250 255
 ctc gtg ctc ttc ggg aac ttc tac ctc aag gcg tac tcg aac aag tcg 816
 Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser

260 265 270
 cgc ggc gac ggc gcg agt tcc gtg aaa cca gcc gag acc acg cgc gcg 864
 Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
 275 280 285

 ccc agc gtg cga cgc acg cga tct cga aaa att gac taa 903
 Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
 290 295 300

 <210> 114
 <211> 300
 <212> PRT
 <213> *Ostreococcus tauri*

 <400> 114

 Met Ser Ala Ser Gly Ala Leu Leu Pro Ala Ile Ala Phe Ala Ala Tyr
 1 5 10 15

 Ala Tyr Ala Thr Tyr Ala Tyr Ala Phe Glu Trp Ser His Ala Asn Gly
 20 25 30

 Ile Asp Asn Val Asp Ala Arg Glu Trp Ile Gly Ala Leu Ser Leu Arg
 35 40 45

 Leu Pro Ala Ile Ala Thr Thr Met Tyr Leu Leu Phe Cys Leu Val Gly
 50 55 60

 Pro Arg Leu Met Ala Lys Arg Glu Ala Phe Asp Pro Lys Gly Phe Met
 65 70 75 80

 Leu Ala Tyr Asn Ala Tyr Gln Thr Ala Phe Asn Val Val Val Leu Gly
 85 90 95

 Met Phe Ala Arg Glu Ile Ser Gly Leu Gly Gln Pro Val Trp Gly Ser
 100 105 110

 Thr Met Pro Trp Ser Asp Arg Lys Ser Phe Lys Ile Leu Leu Gly Val
 115 120 125

 Trp Leu His Tyr Asn Asn Lys Tyr Leu Glu Leu Leu Asp Thr Val Phe
 130 135 140

 Met Val Ala Arg Lys Lys Thr Lys Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr
 145 150 155 160

 His His Ala Leu Leu Ile Trp Ala Trp Trp Leu Val Cys His Leu Met
 165 170 175

 Ala Thr Asn Asp Cys Ile Asp Ala Tyr Phe Gly Ala Ala Cys Asn Ser
 180 185 190

 Phe Ile His Ile Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Leu Met Ser Ala Leu Gly
 195 200 205

Ile Arg Cys Pro Trp Lys Arg Tyr Ile Thr Gln Ala Gln Met Leu Gln
 210 215 220

Phe Val Ile Val Phe Ala His Ala Val Phe Val Leu Arg Gln Lys His
 225 230 235 240

Cys Pro Val Thr Leu Pro Trp Ala Gln Met Phe Val Met Thr Asn Met
 245 250 255

Leu Val Leu Phe Gly Asn Phe Tyr Leu Lys Ala Tyr Ser Asn Lys Ser
 260 265 270

Arg Gly Asp Gly Ala Ser Ser Val Lys Pro Ala Glu Thr Thr Arg Ala
 275 280 285

Pro Ser Val Arg Arg Thr Arg Ser Arg Lys Ile Asp
 290 295 300

<210> 115
 <211> 13
 <212> PRT
 <213> Konsensus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(13)
 <223> Xaa in der Sequenz an der Position 2, 3, 4, 6, 7, 8 und 9 hat die
 in Tabelle A wiedergegebene Bedeutung.

<400> 115

Asn Xaa Xaa Xaa His Xaa Xaa Met Tyr Xaa Tyr Tyr Xaa
 1 5 10

<210> 116
 <211> 10
 <212> PRT
 <213> Konsensus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(10)
 <223> Xaa an der Position 3, 4, 5 und 6 in der Sequenz hat die in Tabel
 le A wiedergegebene Bedeutung.

<400> 116

His His Xaa Xaa Xaa Xaa Trp Ala Trp Trp
 1 5 10

<210> 117
 <211> 909
 <212> DNA
 <213> Xenopus laevis
 <220>

<221> CDS
 <222> (1)..(909)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 117
 atg gcc ttc aag gag ctc aca tca agg gca gtg ctc ctg tat gat gaa 48
 Met Ala Phe Lys Glu Leu Thr Ser Arg Ala Val Leu Leu Tyr Asp Glu
 1 5 10 15
 tgg att aaa gat gct gat cct agg gtt gaa gac tgg cca ctc atg tcc 96
 Trp Ile Lys Asp Ala Asp Pro Arg Val Glu Asp Trp Pro Leu Met Ser
 20 25 30
 tct cct atc cta caa acc atc atc atc ggc gct tac atc tac ttt gtc 144
 Ser Pro Ile Leu Gln Thr Ile Ile Ile Gly Ala Tyr Ile Tyr Phe Val
 35 40 45
 aca tca ttg ggc cca agg atc atg gag aac agg aag ccg ttt gct ctg 192
 Thr Ser Leu Gly Pro Arg Ile Met Glu Asn Arg Lys Pro Phe Ala Leu
 50 55 60
 aag gag atc atg gca tgt tac aac tta ttc atg gtt ctg ttt tct gtg 240
 Lys Glu Ile Met Ala Cys Tyr Asn Leu Phe Met Val Leu Phe Ser Val
 65 70 75 80
 tac atg tgc tat gag ttt ctc atg tcg ggc tgg gct act gga tat tcc 288
 Tyr Met Cys Tyr Glu Phe Leu Met Ser Gly Trp Ala Thr Gly Tyr Ser
 85 90 95
 ttt aga tgt gac att gtt gac tac tct cag tca cct cag gcg tta cgg 336
 Phe Arg Cys Asp Ile Val Asp Tyr Ser Gln Ser Pro Gln Ala Leu Arg
 100 105 110
 atg gcc tgg acc tgc tgg ctc ttc tat ttt tca aag ttc att gaa tta 384
 Met Ala Trp Thr Cys Trp Leu Phe Tyr Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu
 115 120 125
 tta gac act gtt ttc ttt gtg ctg cgt aag aag aac agc cag att aca 432
 Leu Asp Thr Val Phe Phe Val Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Ile Thr
 130 135 140
 ttc ctg cac gtc tat cac cac tcc att atg cct tgg acg tgg tgg ttt 480
 Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ile Met Pro Trp Thr Trp Trp Phe
 145 150 155 160
 gga gtc aaa ttt gct cca ggt ggt ttg ggc aca ttc cat gca ctg gtg 528
 Gly Val Lys Phe Ala Pro Gly Gly Leu Gly Thr Phe His Ala Leu Val
 165 170 175
 aac tgt gtg gtc cat gtt atc atg tac agc tac tac ggc ctg tca gcc 576
 Asn Cys Val Val His Val Ile Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala
 180 185 190
 ttg ggg cct gcc tac cag aag tac ctg tgg tgg aaa aag tac atg acg 624
 Leu Gly Pro Ala Tyr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Met Thr
 195 200 205
 tct atc caa ctg acc cag ttc ttg atg gtt act ttt cac atc ggc cag 672
 Ser Ile Gln Leu Thr Gln Phe Leu Met Val Thr Phe His Ile Gly Gln
 210 215 220
 ttc ttc ttc atg gag aat tgc ccg tac cag tat ccc gtc ttc ttg tat 720
 Phe Phe Phe Met Glu Asn Cys Pro Tyr Gln Tyr Pro Val Phe Leu Tyr
 225 230 235 240
 gtc att tgg ctg tac ggg ttc gtt ttc tta atc ttg ttc ctc aac ttc 768
 Val Ile Trp Leu Tyr Gly Phe Val Phe Leu Ile Leu Phe Leu Asn Phe

245	250	255	
tgg ttc cac gct tac atc aaa gga cag agg ctg ccg aaa gcc gtc caa			816
Trp Phe His Ala Tyr Ile Lys Gly Gln Arg Leu Pro Lys Ala Val Gln			
260	265	270	
aat ggc cac tgc aag aac aac aac aac caa gaa aac act tgg tgc aag			864
Asn Gly His Cys Lys Asn Asn Asn Asn Gln Glu Asn Thr Trp Cys Lys			
275	280	285	
aac aaa aac cag aaa aac ggt gca ttg aaa agc aaa aac cat tga			909
Asn Lys Asn Gln Lys Asn Gly Ala Leu Lys Ser Lys Asn His			
290	295	300	
<210> 118			
<211> 302			
<212> PRT			
<213> Xenopus laevis			
<400> 118			
Met Ala Phe Lys Glu Leu Thr Ser Arg Ala Val Leu Leu Tyr Asp Glu			
1	5	10	15
Trp Ile Lys Asp Ala Asp Pro Arg Val Glu Asp Trp Pro Leu Met Ser			
20	25	30	
Ser Pro Ile Leu Gln Thr Ile Ile Ile Gly Ala Tyr Ile Tyr Phe Val			
35	40	45	
Thr Ser Leu Gly Pro Arg Ile Met Glu Asn Arg Lys Pro Phe Ala Leu			
50	55	60	
Lys Glu Ile Met Ala Cys Tyr Asn Leu Phe Met Val Leu Phe Ser Val			
65	70	75	80
Tyr Met Cys Tyr Glu Phe Leu Met Ser Gly Trp Ala Thr Gly Tyr Ser			
85	90	95	
Phe Arg Cys Asp Ile Val Asp Tyr Ser Gln Ser Pro Gln Ala Leu Arg			
100	105	110	
Met Ala Trp Thr Cys Trp Leu Phe Tyr Phe Ser Lys Phe Ile Glu Leu			
115	120	125	
Leu Asp Thr Val Phe Phe Val Leu Arg Lys Lys Asn Ser Gln Ile Thr			
130	135	140	
Phe Leu His Val Tyr His His Ser Ile Met Pro Trp Thr Trp Trp Phe			
145	150	155	160
Gly Val Lys Phe Ala Pro Gly Gly Leu Gly Thr Phe His Ala Leu Val			
165	170	175	
Asn Cys Val Val His Val Ile Met Tyr Ser Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala			
180	185	190	

Leu Gly Pro Ala Tyr Gln Lys Tyr Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Met Thr
 195 200 205

Ser Ile Gln Leu Thr Gln Phe Leu Met Val Thr Phe His Ile Gly Gln
 210 215 220

Phe Phe Phe Met Glu Asn Cys Pro Tyr Gln Tyr Pro Val Phe Leu Tyr
 225 230 235 240

Val Ile Trp Leu Tyr Gly Phe Val Phe Leu Ile Leu Phe Leu Asn Phe
 245 250 255

Trp Phe His Ala Tyr Ile Lys Gly Gln Arg Leu Pro Lys Ala Val Gln
 260 265 270

Asn Gly His Cys Lys Asn Asn Asn Asn Gln Glu Asn Thr Trp Cys Lys
 275 280 285

Asn Lys Asn Gln Lys Asn Gly Ala Leu Lys Ser Lys Asn His
 290 295 300

<210> 119
 <211> 870
 <212> DNA
 <213> Ciona intestinalis
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(870)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 119
 atg gac gta ctt cat cgt ttc tta gga ttc tac gaa tgg acg ctg act 48
 Met Asp Val Leu His Arg Phe Leu Gly Phe Tyr Glu Trp Thr Leu Thr
 1 5 10 15
 ttc gcg gac ccc cga gtg gca aaa tgg cct tta ata gaa aac ccc ctt 96
 Phe Ala Asp Pro Arg Val Ala Lys Trp Pro Leu Ile Glu Asn Pro Leu
 20 25 30
 cct aca att gct att gtg ttg ctg tac ctg gcg ttt gtt ctg tat att 144
 Pro Thr Ile Ala Ile Val Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Val Leu Tyr Ile
 35 40 45
 ggg ccg cgt ttt atg cga aaa aga gca cca gtt gac ttt ggt tta ttc 192
 Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
 50 55 60
 ctc cct gga tat aac ttt gct ttg gtt gca tta aat tat tat atc ctg 240
 Leu Pro Gly Tyr Asn Phe Ala Leu Val Ala Leu Asn Tyr Tyr Ile Leu
 65 70 75 80
 caa gaa gtg gtc act ggg agt tat ggg gct ggg tat gat ttg gtt tgc 288
 Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
 85 90 95
 aca cca ctt cga agt gat tcc tac gat ccc aat gaa atg aag gtt gca 336
 Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala

100	105	110	
aac gct gta tgg tgg tat tat gta tcc aag ata ata gag ttg ttt gat			384
Asn Ala Val Trp Trp Tyr Tyr Val Ser Lys Ile Ile Glu Leu Phe Asp			
115	120	125	
act gtg ttg ttc act cta cgc aaa cga gac cga caa gta act ttc ctt			432
Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu			
130	135	140	
cat gtt tat cac cat tct acc atg ccc ctg ttg tgg tgg att ggg gca			480
His Val Tyr His His Ser Thr Met Pro Leu Leu Trp Trp Ile Gly Ala			
145	150	155	160
aag tgg gtg cct ggt ggg caa tca ttt gtt ggc atc ata ctg aac tcc			528
Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser			
165	170	175	
agt gtt cat gtt atc atg tat acg tac tat gga ttg tca gcc ttg ggg			576
Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly			
180	185	190	
cct cac atg cag aag ttt cta tgg tgg aag aaa tat atc aca atg ttg			624
Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu			
195	200	205	
caa ctg gtt caa ttt gtt ctt gcc atc tac cat act gct cga tca ttg			672
Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu			
210	215	220	
tac gtt aaa tgt ccc tcg cct gtt tgg atg cac tgg gca ctt atc ttg			720
Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu			
225	230	235	240
tac gct ttc tca ttc att ttg ctt ttc tca aac ttc tac atg cat gcc			768
Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala			
245	250	255	
tat atc aag aaa tca aga aaa ggg aaa gag aat ggc agt cga gga aaa			816
Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys			
260	265	270	
ggt ggt gta agt aat gga aag gaa aag ctg cac gct aat ggt aaa acc			864
Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr			
275	280	285	
gat taa			870
Asp			

<210> 120
 <211> 289
 <212> PRT
 <213> Ciona intestinalis

<400> 120

Met Asp Val Leu His Arg Phe Leu Gly Phe Tyr Glu Trp Thr Leu Thr
 1 5 10 15

Phe Ala Asp Pro Arg Val Ala Lys Trp Pro Leu Ile Glu Asn Pro Leu
 20 25 30

Pro Thr Ile Ala Ile Val Leu Leu Tyr Leu Ala Phe Val Leu Tyr Ile
 35 40 45

Gly Pro Arg Phe Met Arg Lys Arg Ala Pro Val Asp Phe Gly Leu Phe
 50 55 60

Leu Pro Gly Tyr Asn Phe Ala Leu Val Ala Leu Asn Tyr Tyr Ile Leu
 65 70 75 80

Gln Glu Val Val Thr Gly Ser Tyr Gly Ala Gly Tyr Asp Leu Val Cys
 85 90 95

Thr Pro Leu Arg Ser Asp Ser Tyr Asp Pro Asn Glu Met Lys Val Ala
 100 105 110

Asn Ala Val Trp Trp Tyr Tyr Val Ser Lys Ile Ile Glu Leu Phe Asp
 115 120 125

Thr Val Leu Phe Thr Leu Arg Lys Arg Asp Arg Gln Val Thr Phe Leu
 130 135 140

His Val Tyr His His Ser Thr Met Pro Leu Leu Trp Trp Ile Gly Ala
 145 150 155 160

Lys Trp Val Pro Gly Gly Gln Ser Phe Val Gly Ile Ile Leu Asn Ser
 165 170 175

Ser Val His Val Ile Met Tyr Thr Tyr Tyr Gly Leu Ser Ala Leu Gly
 180 185 190

Pro His Met Gln Lys Phe Leu Trp Trp Lys Lys Tyr Ile Thr Met Leu
 195 200 205

Gln Leu Val Gln Phe Val Leu Ala Ile Tyr His Thr Ala Arg Ser Leu
 210 215 220

Tyr Val Lys Cys Pro Ser Pro Val Trp Met His Trp Ala Leu Ile Leu
 225 230 235 240

Tyr Ala Phe Ser Phe Ile Leu Leu Phe Ser Asn Phe Tyr Met His Ala
 245 250 255

Tyr Ile Lys Lys Ser Arg Lys Gly Lys Glu Asn Gly Ser Arg Gly Lys
 260 265 270

Gly Gly Val Ser Asn Gly Lys Glu Lys Leu His Ala Asn Gly Lys Thr
 275 280 285

Asp

<210> 121
 <211> 30

<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 121
aggatccatg gccttcaagg agctcacatc

30

<210> 122
<211> 35
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(35)
<223>

<400> 122
cctcgagtca atgggtttttg cttttcaatg caccg

35

<210> 123
<211> 25
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(25)
<223>

<400> 123
taagcttatg gacgtacttc atcgt

25

<210> 124
<211> 26
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 124
tcagatcttt aatcggtttt accatt

26

<210> 125
<211> 34
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(34)
<223>

<400> 125
gcggccgcac catggccttc aaggagctca catc 34

<210> 126
<211> 38
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(38)
<223>

<400> 126
gcggccgcct tcaatgggtt ttgcttttca atgcaccg 38

<210> 127
<211> 29
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 127
gcggccgcac catggacgta cttcatcgt 29

<210> 128
<211> 27
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 128
gcggccgctt taatcggtt taccatt 27

<210> 129
<211> 60
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 129
gtcgaccgcg ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccgcatctgc tggctatgaa 60

<210> 130
<211> 60
<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(60)

<223>

<400> 130

gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa 60

<210> 131

<211> 789

<212> DNA

<213> *Euglena gracilis*

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(789)

<223> Delta-5-Elongase

<400> 131

atg	ctg	ggg	gcc	atc	gcg	gac	gtc	gtg	ctc	cgg	ggg	ccc	gcc	gca	ttc	48
Met	Leu	Gly	Ala	Ile	Ala	Asp	Val	Val	Leu	Arg	Gly	Pro	Ala	Ala	Phe	
1			5						10					15		

cac	tgg	gac	cct	gcc	acc	acc	ccg	ctc	gca	tgc	atc	gtc	agc	ccc	tgt	96
His	Trp	Asp	Pro	Ala	Thr	Thr	Pro	Leu	Ala	Ser	Ile	Val	Ser	Pro	Cys	
			20					25					30			

gtg	gcc	tcc	gtg	gcg	tac	ctg	ggg	gcc	atc	ggg	ctg	ctg	aag	cgc	cgc	144
Val	Ala	Ser	Val	Ala	Tyr	Leu	Gly	Ala	Ile	Gly	Leu	Leu	Lys	Arg	Arg	
		35				40						45				

act	gga	ccg	gag	gtc	cgc	tcc	aag	ccc	ttc	gag	ctg	cta	cac	aac	ggg	192
Thr	Gly	Pro	Glu	Val	Arg	Ser	Lys	Pro	Phe	Glu	Leu	Leu	His	Asn	Gly	
	50					55					60					

ctg	ctg	gtg	ggc	tgg	tcc	ctc	gtg	gtg	ctg	ctc	ggg	acg	ctg	tac	ggc	240
Leu	Leu	Val	Gly	Trp	Ser	Leu	Val	Val	Leu	Leu	Gly	Thr	Leu	Tyr	Gly	
65				70					75					80		

gcg	ttc	cag	cgc	gtg	cag	gag	gac	ggc	cgg	ggg	gtg	cag	gcc	ctc	ctg	288
Ala	Phe	Gln	Arg	Val	Gln	Glu	Asp	Gly	Arg	Gly	Val	Gln	Ala	Leu	Leu	
			85					90						95		

tgc	acc	cag	cgg	cca	cca	tct	cag	atc	tgg	gac	ggc	ccg	gtg	ggg	tac	336
Cys	Thr	Gln	Arg	Pro	Pro	Ser	Gln	Ile	Trp	Asp	Gly	Pro	Val	Gly	Tyr	
			100					105					110			

ttc	acg	tac	ctc	ttc	tac	ctc	gcg	aag	tac	tgg	gag	ctg	gcg	gac	act	384
Phe	Thr	Tyr	Leu	Phe	Tyr	Leu	Ala	Lys	Tyr	Trp	Glu	Leu	Ala	Asp	Thr	
		115				120						125				

gtc	atc	ctc	gcc	ctc	cgc	cag	aag	ccc	acc	atc	ccc	ctc	cac	gtc	tac	432
Val	Ile	Leu	Ala	Leu	Arg	Gln	Lys	Pro	Thr	Ile	Pro	Leu	His	Val	Tyr	
	130				135						140					

cat	cac	gcc	gtc	atg	ctg	ttc	atc	gtg	tgg	tgc	tgg	ttc	gcg	cac	ccc	480
His	His	Ala	Val	Met	Leu	Phe	Ile	Val	Trp	Ser	Trp	Phe	Ala	His	Pro	
145				150					155					160		

tgg	ctc	gag	ggg	agc	tgg	tgg	tgc	tcc	ctg	gtc	aac	tct	ttc	atc	cac	528
Trp	Leu	Glu	Gly	Ser	Trp	Trp	Cys	Ser	Leu	Val	Asn	Ser	Phe	Ile	His	
			165					170					175			

191

acg gtg atg tac tcg tac tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct 576
 Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
 180 185 190

tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg 624
 Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
 195 200 205

ggc tgc gtg tac gtc atg gcg ttc ttc ggc cta tat tat gcc ggg gcg 672
 Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
 210 215 220

ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac 720
 Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
 225 230 235 240

ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tca tac agc 768
 Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
 245 250 255

aaa cct agc cgg aag gag tag 789
 Lys Pro Ser Arg Lys Glu
 260

<210> 132
 <211> 262
 <212> PRT
 <213> Euglena gracilis

<400> 132

Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
 1 5 10 15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
 20 25 30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
 35 40 45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
 50 55 60

Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
 65 70 75 80

Ala Phe Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
 85 90 95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
 100 105 110

Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Ala Asp Thr
 115 120 125

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
 130 135 140

His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
 145 150 155 160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
 165 170 175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
 180 185 190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
 195 200 205

Gly Cys Val Tyr Val Met Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
 210 215 220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
 225 230 235 240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
 245 250 255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
 260

<210> 133
 <211> 789
 <212> DNA
 <213> *Euglena gracilis*

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(789)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 133
 atg ctg ggg gcc atc gcg gac gtc gtg ctc cgg ggg ccc gcc gca ttc 48
 Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
 1 5 10 15
 cac tgg gac cct gcc acc acc ccg ctc gca tcg atc gtc agc ccc tgt 96
 His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
 20 25 30
 gtg gcc tcc gtg gcg tac ctg ggg gcc atc ggg ctg ctg aag cgc cgc 144
 Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
 35 40 45
 act gga ccg gag gtc cgc tcc aag ccc ttc gag ctg cta cac aac ggg 192
 Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
 50 55 60
 ctg ctg gtg ggc tgg tcc ctc gtg gtg ctg ctc ggg acg ctg tac ggc 240
 Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
 65 70 75 80
 gcg tac cag cgc gtg cag gag gac gcc cgg ggg gtg cag gcc ctg ctg 288
 Ala Tyr Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
 85 90 95

193

tgc acc cag cgg cca cca tct cag atc tgg gac ggc ccg gtg ggg tac 336
 Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
 100 105 110
 ttc acg tac ctt ttc tac ctc gcg aag tac tgg gag ctg gtg gac act 384
 Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Val Asp Thr
 115 120 125
 gtc atc ctc gcc ctc cgc cag aag ccc acc atc ccc ctc cac gtc tac 432
 Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
 130 135 140
 cat cac gcc gtc atg ctg ttc att gtg tgg tgc tgg ttc gcg cac ccc 480
 His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
 145 150 155 160
 tgg ctc gag ggg agc tgg tgg tgc tcc ctg gtc aac tct ttc atc cac 528
 Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
 165 170 175
 acg gtg atg tac tcg tat tac acc ctg acg gtg gtt ggc atc aac cct 576
 Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
 180 185 190
 tgg tgg aag aag tgg atg acc acc atg cag atc atc cag ttc atc acg 624
 Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
 195 200 205
 ggc tgc gtg tac gtc acg gcg ttc ttc ggc cta tac tat gcc ggg gcg 672
 Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
 210 215 220
 ggc tgc acc tcc aac gtg tac act gcc tgg ttc tcg atg ggg gtc aac 720
 Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
 225 230 235 240
 ctc agc ttt ctg tgg ctc ttc gct ctt ttc ttc cgc cgg tcg tac agc 768
 Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
 245 250 255
 aaa cct agc cgg aag gag tag 789
 Lys Pro Ser Arg Lys Glu
 260

<210> 134
 <211> 262
 <212> PRT
 <213> Euglena gracilis

<400> 134

Met Leu Gly Ala Ile Ala Asp Val Val Leu Arg Gly Pro Ala Ala Phe
1 5 10 15

His Trp Asp Pro Ala Thr Thr Pro Leu Ala Ser Ile Val Ser Pro Cys
20 25 30

Val Ala Ser Val Ala Tyr Leu Gly Ala Ile Gly Leu Leu Lys Arg Arg
35 40 45

Thr Gly Pro Glu Val Arg Ser Lys Pro Phe Glu Leu Leu His Asn Gly
50 55 60

194

Leu Leu Val Gly Trp Ser Leu Val Val Leu Leu Gly Thr Leu Tyr Gly
65 70 75 80

Ala Tyr Gln Arg Val Gln Glu Asp Gly Arg Gly Val Gln Ala Leu Leu
85 90 95

Cys Thr Gln Arg Pro Pro Ser Gln Ile Trp Asp Gly Pro Val Gly Tyr
100 105 110

Phe Thr Tyr Leu Phe Tyr Leu Ala Lys Tyr Trp Glu Leu Val Asp Thr
115 120 125

Val Ile Leu Ala Leu Arg Gln Lys Pro Thr Ile Pro Leu His Val Tyr
130 135 140

His His Ala Val Met Leu Phe Ile Val Trp Ser Trp Phe Ala His Pro
145 150 155 160

Trp Leu Glu Gly Ser Trp Trp Cys Ser Leu Val Asn Ser Phe Ile His
165 170 175

Thr Val Met Tyr Ser Tyr Tyr Thr Leu Thr Val Val Gly Ile Asn Pro
180 185 190

Trp Trp Lys Lys Trp Met Thr Thr Met Gln Ile Ile Gln Phe Ile Thr
195 200 205

Gly Cys Val Tyr Val Thr Ala Phe Phe Gly Leu Tyr Tyr Ala Gly Ala
210 215 220

Gly Cys Thr Ser Asn Val Tyr Thr Ala Trp Phe Ser Met Gly Val Asn
225 230 235 240

Leu Ser Phe Leu Trp Leu Phe Ala Leu Phe Phe Arg Arg Ser Tyr Ser
245 250 255

Lys Pro Ser Arg Lys Glu
260

<210> 135
<211> 897
<212> DNA
<213> Arabidopsis thaliana

<220>
<221> CDS
<222> (1)..(897)
<223> Delta-5-Elongase

<400> 135
atg gca tct gtt tac tcc acc cta acc tac tgg ctc gtc cac cac ccc
Met Ala Ser Val Tyr Ser Thr Leu Thr Tyr Trp Leu Val His His Pro
1 5 10 15

195

tac att gcc aac ttc acg tgg acc gaa ggt gaa aca cta ggc tcc acc	96
Tyr Ile Ala Asn Phe Thr Trp Thr Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr	
20 25 30	
ggt ttc ttt gtc ttt gtc gtc gtc tcc ctt tac ctc tcc gcc aca ttc	144
Val Phe Phe Val Phe Val Val Val Ser Leu Tyr Leu Ser Ala Thr Phe	
35 40 45	
ctc ctc cga tac acc gtc gat tca ctc ccc aca ctc ggt ccc cgc att	192
Leu Leu Arg Tyr Thr Val Asp Ser Leu Pro Thr Leu Gly Pro Arg Ile	
50 55 60	
ctc aaa cca atc aca gcc gtt cac agc ctc att ctc ttc ctc ctc tcc	240
Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Phe Leu Leu Ser	
65 70 75 80	
tta acc atg gcc gtt ggt tgc act ctc tcc cta atc tct tcc tcg gac	288
Leu Thr Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Asp	
85 90 95	
ccg aag gcg cgt ctc ttc gac gcc gtt tgt ttc ccc ctc gac gtg aaa	336
Pro Lys Ala Arg Leu Phe Asp Ala Val Cys Phe Pro Leu Asp Val Lys	
100 105 110	
cct aag gga ccg ctt ttc ttt tgg gct caa gtc ttt tac ctc tcg aag	384
Pro Lys Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr Leu Ser Lys	
115 120 125	
atc ctt gag ttc gta gac aca ctt ctc atc ata ctc aac aaa tca atc	432
Ile Leu Glu Phe Val Asp Thr Leu Leu Ile Ile Leu Asn Lys Ser Ile	
130 135 140	
caa cgg ctc tcg ttc ctc cac gtc tac cac cac gca acg gtt gtg att	480
Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr Val Val Ile	
145 150 155 160	
ttg tgc tac ctc tgg tta cga aca cgt caa tcg atg ttt cct gtt ggg	528
Leu Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe Pro Val Gly	
165 170 175	
ctc gtg ttg aac tcg acg gtc cat gtg att atg tac ggg tac tat ttc	576
Leu Val Leu Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly Tyr Tyr Phe	
180 185 190	
ctc tgc gct atc gga tcg agg ccc aag tgg aag aag ttg gtg acg aat	624
Leu Cys Ala Ile Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Lys Leu Val Thr Asn	
195 200 205	
ttt caa atg gtt cag ttt gct ttc ggc atg ggg tta gga gcc gct tgg	672
Phe Gln Met Val Gln Phe Ala Phe Gly Met Gly Leu Gly Ala Ala Trp	
210 215 220	
atg ctc cca gag cat tat ttc ggg tcg ggt tgc gcc ggg att tgg aca	720
Met Leu Pro Glu His Tyr Phe Gly Ser Gly Cys Ala Gly Ile Trp Thr	
225 230 235 240	
ggt tat ttc aat ggt gtg ttt act gct tct cta ttg gct ctc ttc tac	768
Val Tyr Phe Asn Gly Val Phe Thr Ala Ser Leu Leu Ala Leu Phe Tyr	
245 250 255	
aac ttc cac tcc aag aac tat gag aag act aca acg tcg cct ttg tat	816
Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Glu Lys Thr Thr Thr Ser Pro Leu Tyr	
260 265 270	
aag atc gaa tcc ttt ata ttt att cac gga gag agg tgg gca aat aaa	864
Lys Ile Glu Ser Phe Ile Phe Ile His Gly Glu Arg Trp Ala Asn Lys	
275 280 285	

gcg att aca tta ttt tcc aag aaa aac gat taa
 Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
 290 295

<210> 136
 <211> 298
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 136

Met Ala Ser Val Tyr Ser Thr Leu Thr Tyr Trp Leu Val His His Pro
 1 5 10 15

Tyr Ile Ala Asn Phe Thr Trp Thr Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
 20 25 30

Val Phe Phe Val Phe Val Val Val Ser Leu Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
 35 40 45

Leu Leu Arg Tyr Thr Val Asp Ser Leu Pro Thr Leu Gly Pro Arg Ile
 50 55 60

Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Phe Leu Leu Ser
 65 70 75 80

Leu Thr Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Leu Ile Ser Ser Ser Asp
 85 90 95

Pro Lys Ala Arg Leu Phe Asp Ala Val Cys Phe Pro Leu Asp Val Lys
 100 105 110

Pro Lys Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr Leu Ser Lys
 115 120 125

Ile Leu Glu Phe Val Asp Thr Leu Leu Ile Ile Leu Asn Lys Ser Ile
 130 135 140

Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr Val Val Ile
 145 150 155 160

Leu Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe Pro Val Gly
 165 170 175

Leu Val Leu Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly Tyr Tyr Phe
 180 185 190

Leu Cys Ala Ile Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Lys Leu Val Thr Asn
 195 200 205

Phe Gln Met Val Gln Phe Ala Phe Gly Met Gly Leu Gly Ala Ala Trp
 210 215 220

197

Met Leu Pro Glu His Tyr Phe Gly Ser Gly Cys Ala Gly Ile Trp Thr
 225 230 235 240

Val Tyr Phe Asn Gly Val Phe Thr Ala Ser Leu Leu Ala Leu Phe Tyr
 245 250 255

Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Glu Lys Thr Thr Thr Ser Pro Leu Tyr
 260 265 270

Lys Ile Glu Ser Phe Ile Phe Ile His Gly Glu Arg Trp Ala Asn Lys
 275 280 285

Ala Ile Thr Leu Phe Ser Lys Lys Asn Asp
 290 295

<210> 137
 <211> 837
 <212> DNA
 <213> Arabidopsis thaliana

<220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(837)
 <223> Delta-5-Elongase

<400> 137
 atg gca tca att tac tcc tct tta acc tac tgg ctc gtt aac cac ccc 48
 Met Ala Ser Ile Tyr Ser Ser Leu Thr Tyr Trp Leu Val Asn His Pro
 1 5 10 15
 tac atc tcc aat ttt act tgg atc gaa ggt gaa acc cta ggc tcc acc 96
 Tyr Ile Ser Asn Phe Thr Trp Ile Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
 20 25 30
 gtc ttt ttc gta tcc gtc gta gtc tcc gtt tac ctc tcc gcc acg ttc 144
 Val Phe Phe Val Ser Val Val Val Ser Val Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
 35 40 45
 ctc ctc cga tcc gcc atc gat tca ctc cca tca ctc agt cca cgt atc 192
 Leu Leu Arg Ser Ala Ile Asp Ser Leu Pro Ser Leu Ser Pro Arg Ile
 50 55 60
 ctc aaa ccg atc aca gcc gtc cac agc cta atc ctc tgt ctc ctc tcc 240
 Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Cys Leu Leu Ser
 65 70 75 80
 tta gtc atg gcc gtc ggt tgc act ctc tca ata acc tca tct cac gcg 288
 Leu Val Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Ile Thr Ser Ser His Ala
 85 90 95
 tct tca gat ccg atg gcg cgt ttc ctt cac gcg att tgc ttt ccc gtc 336
 Ser Ser Asp Pro Met Ala Arg Phe Leu His Ala Ile Cys Phe Pro Val
 100 105 110
 gac gtt aaa cct aac gga ccg ctt ttc ttc tgg gct caa gtc ttc tac 384
 Asp Val Lys Pro Asn Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr
 115 120 125
 ctc tcg aag atc ctc gag ttc gga gac acg atc ctc atc ata ctc ggc 432
 Leu Ser Lys Ile Leu Glu Phe Gly Asp Thr Ile Leu Ile Ile Leu Gly
 130 135 140

198

aaa tca atc caa cgg cta tcc ttc ctc cac gtg tac cac cac gcg acg 480
 Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
 145 150 155 160
 gtt gtg gtc atg tgt tat ctc tgg ctc cga act cgc caa tcg atg ttt 528
 Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
 165 170 175
 ccg att gcg ctc gtg acg aat tcg acg gta cac gtc atc atg tac ggt 576
 Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
 180 185 190
 tac tac ttc ctc tgc gcc gtt gga tcg agg ccc aag tgg aag aga ttg 624
 Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
 195 200 205
 gtg acg gat tgt cag att gtt cag ttt gtt ttc agt ttc ggg tta tcc 672
 Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
 210 215 220
 ggt tgg atg ctc cga gag cac tta ttc ggg tcg ggt tgc acc ggg att 720
 Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
 225 230 235 240
 tgg gga tgg tgt ttc aac gct gca ttt aat gct tct ctt ttg gct ctc 768
 Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
 245 250 255
 ttt tcc aac ttc cat tca aag aat tat gtc aag aag cca acg aga gag 816
 Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
 260 265 270
 gat ggc aaa aaa agc gat tag 837
 Asp Gly Lys Lys Ser Asp
 275

<210> 138
 <211> 278
 <212> PRT
 <213> Arabidopsis thaliana

<400> 138

Met Ala Ser Ile Tyr Ser Ser Leu Thr Tyr Trp Leu Val Asn His Pro
 1 5 10 15

Tyr Ile Ser Asn Phe Thr Trp Ile Glu Gly Glu Thr Leu Gly Ser Thr
 20 25 30

Val Phe Phe Val Ser Val Val Val Ser Val Tyr Leu Ser Ala Thr Phe
 35 40 45

Leu Leu Arg Ser Ala Ile Asp Ser Leu Pro Ser Leu Ser Pro Arg Ile
 50 55 60

Leu Lys Pro Ile Thr Ala Val His Ser Leu Ile Leu Cys Leu Leu Ser
 65 70 75 80

Leu Val Met Ala Val Gly Cys Thr Leu Ser Ile Thr Ser Ser His Ala
 85 90 95

199

Ser Ser Asp Pro Met Ala Arg Phe Leu His Ala Ile Cys Phe Pro Val
100 105 110

Asp Val Lys Pro Asn Gly Pro Leu Phe Phe Trp Ala Gln Val Phe Tyr
115 120 125

Leu Ser Lys Ile Leu Glu Phe Gly Asp Thr Ile Leu Ile Ile Leu Gly
130 135 140

Lys Ser Ile Gln Arg Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Ala Thr
145 150 155 160

Val Val Val Met Cys Tyr Leu Trp Leu Arg Thr Arg Gln Ser Met Phe
165 170 175

Pro Ile Ala Leu Val Thr Asn Ser Thr Val His Val Ile Met Tyr Gly
180 185 190

Tyr Tyr Phe Leu Cys Ala Val Gly Ser Arg Pro Lys Trp Lys Arg Leu
195 200 205

Val Thr Asp Cys Gln Ile Val Gln Phe Val Phe Ser Phe Gly Leu Ser
210 215 220

Gly Trp Met Leu Arg Glu His Leu Phe Gly Ser Gly Cys Thr Gly Ile
225 230 235 240

Trp Gly Trp Cys Phe Asn Ala Ala Phe Asn Ala Ser Leu Leu Ala Leu
245 250 255

Phe Ser Asn Phe His Ser Lys Asn Tyr Val Lys Lys Pro Thr Arg Glu
260 265 270

Asp Gly Lys Lys Ser Asp
275

<210> 139

<211> 6

<212> PRT

<213> Konsensus

<220>

<221> MISC_FEATURE

<222> (1)..(6)

<223> Xaa in der Position 3 und 4 in der Sequenz hat die in Tabelle A w
iedergegebene Bedeutung.

<400> 139

Leu His Xaa Xaa His His
1 5

<210> 140

<211> 8

<212> PRT
 <213> Konsensus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(8)
 <223> Xaa an der Position 2, 3, 5 und 6 in der Sequenz hat die in Tabelle A wiedergegebene Bedeutung.

<400> 140

Thr Xaa Xaa Gln Xaa Xaa Gln Phe
 1 5

<210> 141
 <211> 6
 <212> PRT
 <213> Konsensus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(6)
 <223> Xaa an Position 3 in der Sequenz hat die in Tabelle A wiedergegebene Bedeutung.

<400> 141

Asp Thr Xaa Phe Met Val
 1 5

<210> 142
 <211> 8
 <212> PRT
 <213> Konsensus

<220>
 <221> MISC_FEATURE
 <222> (1)..(8)
 <223> Xaa an Position 5 und 6 in der Sequenz hat die in Tabelle A wiedergegebene Bedeutung.

<400> 142

Thr Gln Ala Gln Xaa Xaa Gln Phe
 1 5

<210> 143
 <211> 60
 <212> DNA
 <213> Primer

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(60)
 <223>

<400> 143
 gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccgatctgc tggctatgaa 60

<210> 144

<211> 60
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 144
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggaatctgc tggctatgaa 60

<210> 145
<211> 36
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(36)
<223>

<400> 145
ggtaccacat aatgtgctg gagacggaaa ataacg 36

<210> 146
<211> 33
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(33)
<223>

<400> 146
ctcgagttac gccgtctttc cggagtgttg gcc 33

<210> 147
<211> 24
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 147
gcggccgctt acgtggactt ggtc 24

<210> 148
<211> 24
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 148
gcggccgcat ggcgacgaag gagg

24

<210> 149
<211> 25
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(25)
<223>

<400> 149
taagcttaca tggcgacgaa ggagg

25

<210> 150
<211> 24
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 150
tggatccact tacgtggact tggg

24

<210> 151
<211> 60
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 151
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat cgggatctgc tggctatgaa

60

<210> 152
<211> 31
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 152
gcggccgcac catgtgctca ccaccgccgt c

31

<210> 153
<211> 26

<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 153
gcggccgcct acatggcacc agtaac

26

<210> 154
<211> 31
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 154
gcggccgcac catgtgctca tcaccgccgt c

31

<210> 155
<211> 26
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 155
gcggccgcct acatggcacc agtaac

26

<210> 156
<211> 31
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 156
gcggccgcac catggacgcc tacaacgctg c

31

<210> 157
<211> 27
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 157
gcggccgcct aagcactctt cttcttt

27

<210> 158
<211> 23
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 158
accatgtgct caccaccgcc gtc

23

<210> 159
<211> 18
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(18)
<223>

<400> 159
ctacatggca ccagtaac

18

<210> 160
<211> 23
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 160
accatgtgct catcaccgcc gtc

23

<210> 161
<211> 18
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(18)
<223>

<400> 161
ctacatggca ccagtaac

18

<210> 162
<211> 23
<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(23)

<223>

<400> 162

accatggacg cctacaacgc tgc

23

<210> 163

<211> 19

<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(19)

<223>

<400> 163

ctaagcactc ttcttcttt

19

<210> 164

<211> 60

<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(60)

<223>

<400> 164

gtcgaccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa

60

<210> 165

<211> 60

<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(60)

<223>

<400> 165

gtcgaccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat ccggatctgc tggctatgaa

60

<210> 166

<211> 29

<212> DNA

<213> Primer

<220>

<221> misc_feature

<222> (1)..(29)

<223>

<400> 166
gcggccgcat aatgacgagc aacatgagc

29

<210> 167
<211> 29
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 167
gcggccgctt aggcgcgactt ggccttggg

29

<210> 168
<211> 34
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(34)
<223>

<400> 168
gcggccgcac catggacgtc gtcgagcagc aatg

34

<210> 169
<211> 36
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(36)
<223>

<400> 169
gcggccgctt agatggtctt ctgcttcttg ggcgcc

36

<210> 170
<211> 23
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(23)
<223>

<400> 170
gacataatga cgagcaacat gag

23

<210> 171
<211> 25
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(25)
<223>

<400> 171
cggcttaggc cgacttgccc ttggg

25

<210> 172
<211> 30
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 172
agacataatg gacgtcgtcg agcagcaatg

30

<210> 173
<211> 28
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(28)
<223>

<400> 173
ttagatgggc ttctgcttct tgggcgcc

28

<210> 174
<211> 60
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(60)
<223>

<400> 174
gtcgacccgc ggactagtgg gccctctaga cccgggggat cggatctgc tggctatgaa

60

<210> 175
<211> 29
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 175

gcggccgcat aatggcttca acatggcaa

29

<210> 176
<211> 32
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(32)
<223>

<400> 176
gcggccgctt atgtcttctt gctcttcctg tt

32

<210> 177
<211> 26
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 177
gcggccgcat aatggagact tttaat

26

<210> 178
<211> 28
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(28)
<223>

<400> 178
gcggccgctc agtccccctt cactttcc

28

<210> 179
<211> 29
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(29)
<223>

<400> 179
aagcttacat aatggcttca acatggcaa

29

<210> 180
<211> 30
<212> DNA
<213> Primer

```

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 180
ggatccttat gtcttcttgc tcttcctgtt 30

<210> 181
<211> 26
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(26)
<223>

<400> 181
aagcttacat aatggagact tttaat 26

<210> 182
<211> 27
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(27)
<223>

<400> 182
ggatccttca gtccccctc actttcc 27

<210> 183
<211> 993
<212> DNA
<213> Phaeodactylum tricornutum

<220>
<221> CDS
<222> (103)..(939)
<223> Delta-6-Elongase

<400> 183
ggtcttttgt ggtagctatc gtcacacac gcaggctcgtt gctcactatc gtgatccgta 60
tattgaccgt gcacttgtgt aaaacagaga tatttcaaga gt atg atg gta cct 114
Met Met Val Pro
1

tca agt tat gac gag tat atc gtc atg gtc aac gac ctt ggc gac tct 162
Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp Leu Gly Asp Ser
5 10 15 20

att ctg agc tgg gcc gac cct gat cac tat cgt gga cat acc gag gga 210
Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly His Thr Glu Gly
25 30 35

tgg gag ttc act gac ttt tct gct gct ttt agc att gcc gtc gcg tac 258
Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile Ala Val Ala Tyr

```

210

40	45	50	
ctc ctg ttt gtc ttt gtt gga tct	ctc att atg agt atg gga gtc ccc		306
Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser	Leu Ile Met Ser Met Gly Val Pro		
55	60 65		
gca att gac cct tat ccg ctc aag ttt	gtc tac aat gtt tca cag att		354
Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys	Phe Val Tyr Asn Val Ser Gln Ile		
70	75 80		
atg ctt tgt gct tac atg acc att gaa gcc	agt ctt cta gct tat cgt		402
Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu	Ala Ser Leu Leu Ala Tyr Arg		
85	90 95 100		
aac ggc tac aca ttc tgg cct tgc aac	gat tgg gac ttt gaa aag ccg		450
Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn	Asp Trp Asp Phe Glu Lys Pro		
	105 110 115		
cct atc gct aag ctc ctc tgg ctc ttt	tac gtt tcc aaa att tgg gat		498
Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe	Tyr Val Ser Lys Ile Trp Asp		
	120 125 130		
ttt tgg gac acc atc ttt att gtt ctc	ggg aag aag tgg cgt caa ctt		546
Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu	Gly Lys Lys Trp Arg Gln Leu		
	135 140 145		
tcc ttc ctg cac gtc tac cat cac acc	acc atc ttt ctc ttc tac tgg		594
Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr	Thr Ile Phe Leu Phe Tyr Trp		
	150 155 160		
ttg aat gca cat gta aac ttt gat ggt	gat att ttc ctc acc atc gtc		642
Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly	Asp Ile Phe Leu Thr Ile Val		
	165 170 175 180		
ttg aac ggt ttc atc cac acc gtc atg	tac acg tac tac ttc att tgc		690
Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met	Tyr Thr Tyr Tyr Phe Ile Cys		
	185 190 195		
atg cac acc aag gtc cca gag acc ggc	aaa tcc ttg ccc att tgg tgg		738
Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly	Lys Ser Leu Pro Ile Trp Trp		
	200 205 210		
aaa tct agt ttg aca agc atg cag ctg	gtg cag ttc atc acg atg atg		786
Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu	Val Gln Phe Ile Thr Met Met		
	215 220 225		
acg cag gct atc atg atc ttg tac aag	ggc tgt gct gct ccc cat agc		834
Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys	Gly Cys Ala Ala Pro His Ser		
	230 235 240		
cgg gtg gtg aca tcg tac ttg gtt tac	att ttg tcg ctc ttt att ttg		882
Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr	Ile Leu Ser Leu Phe Ile Leu		
	245 250 255 260		
ttc gcc cag ttc ttt gtc agc tca tac	ctc aag ccg aag aag aag		930
Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr	Leu Lys Pro Lys Lys Lys		
	265 270 275		
aca gct taa gcgaaatttg ggtctacgtt	aaaacaatta cgttacaaaa		979
Thr Ala			
aaaaaaaaaa aaaa			993
<210>	184		
<211>	278		
<212>	PRT		

<213> Phaeodactylum tricornutum

<400> 184

Met Met Val Pro Ser Ser Tyr Asp Glu Tyr Ile Val Met Val Asn Asp
 1 5 10 15

Leu Gly Asp Ser Ile Leu Ser Trp Ala Asp Pro Asp His Tyr Arg Gly
 20 25 30

His Thr Glu Gly Trp Glu Phe Thr Asp Phe Ser Ala Ala Phe Ser Ile
 35 40 45

Ala Val Ala Tyr Leu Leu Phe Val Phe Val Gly Ser Leu Ile Met Ser
 50 55 60

Met Gly Val Pro Ala Ile Asp Pro Tyr Pro Leu Lys Phe Val Tyr Asn
 65 70 75 80

Val Ser Gln Ile Met Leu Cys Ala Tyr Met Thr Ile Glu Ala Ser Leu
 85 90 95

Leu Ala Tyr Arg Asn Gly Tyr Thr Phe Trp Pro Cys Asn Asp Trp Asp
 100 105 110

Phe Glu Lys Pro Pro Ile Ala Lys Leu Leu Trp Leu Phe Tyr Val Ser
 115 120 125

Lys Ile Trp Asp Phe Trp Asp Thr Ile Phe Ile Val Leu Gly Lys Lys
 130 135 140

Trp Arg Gln Leu Ser Phe Leu His Val Tyr His His Thr Thr Ile Phe
 145 150 155 160

Leu Phe Tyr Trp Leu Asn Ala His Val Asn Phe Asp Gly Asp Ile Phe
 165 170 175

Leu Thr Ile Val Leu Asn Gly Phe Ile His Thr Val Met Tyr Thr Tyr
 180 185 190

Tyr Phe Ile Cys Met His Thr Lys Val Pro Glu Thr Gly Lys Ser Leu
 195 200 205

Pro Ile Trp Trp Lys Ser Ser Leu Thr Ser Met Gln Leu Val Gln Phe
 210 215 220

Ile Thr Met Met Thr Gln Ala Ile Met Ile Leu Tyr Lys Gly Cys Ala
 225 230 235 240

Ala Pro His Ser Arg Val Val Thr Ser Tyr Leu Val Tyr Ile Leu Ser
 245 250 255

212

Leu Phe Ile Leu Phe Ala Gln Phe Phe Val Ser Ser Tyr Leu Lys Pro
 260 265 270

Lys Lys Lys Lys Thr Ala
 275

<210> 185
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Primer

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(20)
 <223> N in den Positionen 3 und 18 bedeutet C oder T.

<400> 185
 aaactuctut ggctuttnta

20

<210> 186
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Primer

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(23)
 <223> N in den Positionen 3 und 15 bedeutet C oder T. N in den Positionen 9, 12 und 21 bedeutet A oder G.

<400> 186
 gantguacna anaantgugc naa

23

<210> 187
 <211> 446
 <212> DNA
 <213> PCR-Fragment

<220>
 <221> misc_feature
 <222> (1)..(446)
 <223> PCR-Fragment

<400> 187
 aagctcctct ggctcttttta cgttttccaaa atttgggatt tttgggacac catctttatt 60
 gttctcggga agaagtggcg tcaactttcc ttctgcacg tctaccatca caccaccatc 120
 tttctcttct actgggtgaa tgcacatgta aactttgatg gtgatatttt cctcaccatc 180
 gtcttgaacg gtttcatcca caccgtcatg tacacgtact acttcatttg catgcacacc 240
 aagggtccag agaccggcaa atccttgccc atttgggtgga aatctagttt gacaagcatg 300
 cagctggtgc agttcatcac gatgatgacg caggctatca tgatcttgta caagggctgt 360
 gctgctcccc atagccgggt ggtgacatcg tacttggttt acattttgtc gctctttatt 420
 ttgttgcgcc agttctttgt cagctc 446

<210> 188
<211> 30
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(30)
<223>

<400> 188
gcggccgcac ataatgatgg taccttcaag

30

<210> 189
<211> 22
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(22)
<223>

<400> 189
gaagacagct taatagacta gt

22

<210> 190
<211> 31
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(31)
<223>

<400> 190
gcggccgcac catgatggta ccttcaagtt a

31

<210> 191
<211> 24
<212> DNA
<213> Primer

<220>
<221> misc_feature
<222> (1)..(24)
<223>

<400> 191
gaagacagct taataggcgg ccgc

24

<210> 192
<211> 859
<212> DNA
<213> PCR-Produkt

<400> 192
gcggccgcac ataatgatgg taccttcaag ttatgacgag tatatcgta tggtaacga

60

ccttggegcac tctattctga gctgggccga ccctgatcac tatcgtggac ataccgaggg	120
atgggagttc actgactttt ctgctgcttt tagcattgcc gtcgcgtacc tcctgtttgt	180
ctttgttgga tctctcatta tgagtatggg agtccccgca attgaccctt atccgctcaa	240
gtttgtctac aatgtttcac agattatgct ttgtgcttac atgaccattg aagccagtct	300
tctagcttat cgtaacggct acacattctg gccttgcaac gattgggaact ttgaaaagcc	360
gcctatcgct aagtcctctt ggctctttta cgtttccaaa atttgggatt tttgggacac	420
catcttttatt gttctcgga agaagtggcg tcaactttcc ttctgcacg totaccatca	480
caccaccatc tttctcttct actggttgaa tgcacatgta aactttgatg gtgatatttt	540
cctcaccatc gtcttgaacg gtttcatcca caccgtcatg tacacgtact acttcatttg	600
catgcacacc aaggtcccag agaccggcaa atccttgccc atttggtgga aatctagttt	660
gacaagcatg cagctggtgc agttcatcac gatgatgacg caggctatca tgatcttgta	720
caagggtgt gctgtcccc atagccgggt ggtgacatcg tacttggttt acattttgtc	780
gctcttttatt ttgttcgccc agttctttgt cagctcatac ctcaagccga agaagaagaa	840
gacagcttaa tagactagt	859